

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**



Atty. Dkt. No. 081356-0210

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

Applicant: Kazuko SHINOZAKI et al.

Title: PRODUCTION OF PLANTS HAVING IMPROVED ROOTING
EFFICIENCY AND VASE LIFE USING STRESS-RESISTANCE GENE

Appl. No.: 10/798,579

Filing Date: March 12, 2004

CLAIM FOR CONVENTION PRIORITY

Commissioner for Patents
PO Box 1450
Alexandria, Virginia 22313-1450

Sir:

The benefit of the filing date of the following prior foreign application filed in the following foreign country is hereby requested, and the right of priority provided in 35 U.S.C. § 119 is hereby claimed.

In support of this claim, filed herewith is a certified copy of said original foreign application:

- JAPAN Patent Application No. 2003-71082 filed 3/14/2003.

Respectfully submitted,

Date 31 March 2004

By Stephen A. Bent

FOLEY & LARDNER LLP
Customer Number: 22428
Telephone: (202) 672-5404
Facsimile: (202) 672-5399

Stephen A. Bent
Attorney for Applicant
Registration No. 29,768

(Translation)

**PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT**

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as
filed with this Office.

Date of Application: March 14, 2003

Application Number: Japanese Patent Application
No. 2003-71082

Applicant(s): Japan International Research Center for Agricultural Sciences
Kirin Beer Kabushiki Kaisha

March 16, 2004

**Commissioner,
Patent Office**

Yasuo IMAI (seal)

Certificate No. 2004-3021234

10/798,579
Kab SHINOZAKI e TAL

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日 2 0 0 3 年 3 月 1 4 日
Date of Application:

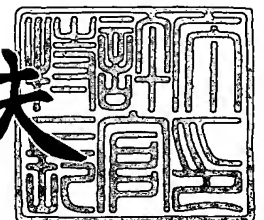
出 願 番 号 特 願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2
Application Number:
[ST. 10/C] : [J P 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2]

出 願 人
Applicant(s): 独立行政法人国際農林水産業研究センター
 麒麟麦酒株式会社

2 0 0 4 年 3 月 1 6 日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今 井 康 夫



出証番号 出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

【書類名】 特許願

【整理番号】 P02-0988

【提出日】 平成15年 3月14日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C07K 14/415
C12N 15/09
C12N 1/19
C12N 1/21

【発明の名称】 ストレス耐性遺伝子を用いた発根率や切花の花持ちが改善された植物の製造

【請求項の数】 10

【発明者】

【住所又は居所】 茨城県つくば市吾妻2丁目11-807-508

【氏名】 篠崎 和子

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 梅基 直行

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 間宮 幹士

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県塩谷郡喜連川町大字早乙女字申塚3377番地
麒麟麦酒株式会社 植物開発研究所内

【氏名】 戸栗 敏博

【特許出願人】

【識別番号】 501174550

【氏名又は名称】 独立行政法人国際農林水産業研究センター

【特許出願人】

【識別番号】 000253503

【氏名又は名称】 麒麟麦酒株式会社

【代理人】

【識別番号】 100091096

【弁理士】

【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

【識別番号】 100118773

【弁理士】

【氏名又は名称】 藤田 節

【選任した代理人】

【識別番号】 100096183

【弁理士】

【氏名又は名称】 石井 貞次

【選任した代理人】

【識別番号】 100111741

【弁理士】

【氏名又は名称】 田中 夏夫

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 15,750円

【その他】 国等以外のすべての者の持分の割合 75 / 100

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9809317

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 ストレス耐性遺伝子を用いた発根率や切花の花持ちが改善された植物の製造

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法。

【請求項 2】 ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1 に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項 3】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1 に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項 4】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において 1 または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコ

ードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項1に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項5】 ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモ

ーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項1に記載の形質転換植物を作成する方法。

【請求項6】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物。

【請求項7】 ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである請求項6に記載の形質転換植物。

【請求項8】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである請求項6に記載の形質転換植物。

【請求項9】 ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結

合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項6記載の形質転換植物。

【請求項10】 ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである請求項6記載の形質転換植物。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子で植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法ならびにストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物に関する。

【0002】

本発明は、さらに発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された植物を作成するための乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子(ストレス耐性遺伝子)の使用に関する。

【0003】

【従来の技術】

栽培植物は、種子繁殖や球根などの植物本来の機構による増殖と、挿し木(挿

し芽、挿し穂)、組織培養などのクローン技術によって増殖が行われている。特に3大切花であるキク、カーネーション、バラは優良品種が作出されると、その枝や穂を挿し木(挿し芽・挿し穂)で増やし切花生産やその植物体の維持に使われている。この増殖の生産性を高めるためには、挿し木増殖の効率を上げる必要があり、最も製品率を上げるためには挿し木の発根性を上げる必要がある。これを解決するため商品名ルートン等に代表されるオーキシン類による薬剤処理が行われるが決して十分ではなく、コストや手間がかかるのが現状である。一方、切花において花持ちという性質は大変重要な形質であることはいうまでもない。花持ちに関する生化学的な検討がされ、老化ホルモンであるエチレンを物理的に吸収するなどの手法がとられている。しかしこの方法においても、エチレンで制御される花持ちは、切花の本体的な改善ではなく、部分的な改善に過ぎない。またエチレンの吸収や発生の抑制で改善される植物は限られた品種であり、もっとより広範囲かつ植物自体の状態の改善が望まれていた。しかも発根性と切花延命性を同時に向上させるような手段は知られていなかった。

【0004】

これまで、人為的にクローン増殖性や花持ちが改善された植物を作出する場合、それぞれに優良な形質を示す系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、挿し木増殖効率および花持ちが改善された植物の作出は困難であった。

【0005】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、様々な植物の作出が試みられている。これまでに、発根促進についてはrolC遺伝子を導入したカーネーションの例があるが、rolC遺伝子自身さまざまな植物で矮化や分枝性をあげることが知られており実用性は難しいと考えられる[J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126:13-18(2001)]。遺伝子組換えによるエチレン発生の抑制やエチレン受容機構に不感受性にするなどの試みがされており、作出された植物が、部分的な花持ちの向上(花卉等の老化の抑制)につながった報告も見られる[HortScience 30: 970-972(1

995), Mol. Breed. 5: 301-308(1999)]。

【 0 0 0 6 】

一方、植物は、自然界において、乾燥、高温、低温又は塩などの様々な環境ストレスに曝されて生息している。植物は、動物のように移動によってストレスから身を守る行動をとることができないため、進化の過程で、様々なストレス耐性機構を獲得してきた。例えば、低温耐性植物(シロイヌナズナ、ホウレンソウ、レタス、エンドウ、オオムギ、テンサイなど)は、低温感受性植物(トウモロコシ、イネ、カボチャ、キュウリ、バナナ、トマトなど)よりも、生体膜脂質中の不飽和脂肪酸の含有割合が低く、そのため、低温に曝されても、生体膜脂質の相転移が起こりにくく、低温障害が生じにくい。これまで、人為的に環境ストレス耐性植物を作出する場合、乾燥、低温又は耐塩性の系統の選抜や交配などの手法が用いられてきたが、選抜法には多くの時間が必要であり、一方、交配法は限られた種間にしか用いることができないため、高い環境ストレス耐性を有する植物の作出は困難であった。

【 0 0 0 7 】

近年のバイオテクノロジーの進歩に伴い、植物に異種生物由来の特定の遺伝子を導入する形質転換技術などの手法を用いて、乾燥、低温、塩などに耐性の植物の作出が試みられている。もっとも実用性の高いとされる植物としてはストレス応答性プロモーターの下流に乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子を導入することにより作出した、環境ストレス耐性の形質転換植物がある[特許第3178672号公報と特許第3183458号公報]。本方法により環境ストレス(乾燥ストレス、低温ストレス、塩ストレスなど)に対する耐性が向上し且つ矮化の起こらない形質転換植物が作出されている。しかしこれらストレス耐性の付与は特殊な条件下(継続的に砂漠地域、塩害地域、低温地域等)で栽培されることを想定した場合やあくまで植物が極度の環境ストレスに一時的に晒された場合の話であり、通常の栽培形態である挿し木増殖の発根率や通常の商品流通や消費形態である切り花にした際の花持ち(切花延命性)に好影響を与えるという報告はなかった。

【 0 0 0 8 】**【特許文献 1】**

特許第3178672号公報

【特許文献 2】

特許第3183458号公報

【非特許文献 1】

J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126 : 13-18(2001)

【非特許文献 2】

HortScience 30: 970-972(1995), Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

【非特許文献 3】

Mol.Breed. 5: 301-308(1999)

【 0 0 0 9 】**【発明が解決しようとする課題】**

本発明は、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ちが改善された植物を提供することを目的とする。

【 0 0 1 0 】**【課題を解決するための手段】**

本発明者らは、上記課題を解決するため鋭意検討を重ねた実験を行っていた。ストレス耐性付与の目的で作成された特許第3178672号公報の実施例 5 に記載されている植物プラスミド pBI29AP:DREB1A で形質転換したキクを得て、これをクローン増殖後に、切花を生産し、その花持ちを検定したところ、遺伝子導入前の品種と比較し、発根率、挿し木増殖性、花持ち（切花延命性）において明らかな優位性を見出し、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明は以下の通りである。

【 0 0 1 1 】

(1) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードする DNA が連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長

された形質転換植物を作成する方法、

(2) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(3) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(4) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子

、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(5) ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも1つのDNAである(1)の形質転換植物を作成する方法、

(6) ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写

を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物、

(7) ストレス応答性プロモーターが、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターからなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(8) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAがDREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子からなる群から選択される少なくとも1つである(6)の形質転換植物、

(9) ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが、

(a) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入された塩基配列からなるDNAであってストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、

(b) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA、ならびに

(c) DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子

子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御する活性を有するタンパク質をコードするDNA

からなる群から選択される少なくとも 1 つの DNA である (6) の形質転換植物、
ならびに

(10) ストレス応答性プロモーターのDNAが、

(a) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erdl遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列において1または数個の塩基が欠失、置換、付加、もしくは挿入されたものであってストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、

(b) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAの塩基配列と少なくとも80%以上の相同性を有する塩基配列からなり、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA、ならびに

(c) rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、ストレス応答性プロモーターのDNAとしての活性を有するDNA

からなる群から選択される少なくとも 1 つの DNA である (6) の形質転換植物。

さらに、上記（４）および（９）のDNAには、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DRE

B2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子のうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが、上記（５）および（１０）のDNAには、rd29A遺伝子プロモーター、rd29B遺伝子プロモーター、rd17遺伝子プロモーター、rd22遺伝子プロモーター、DREB1A遺伝子プロモーター、cor6.6遺伝子プロモーター、cor15a遺伝子プロモーター、erd1遺伝子プロモーター及びkin1遺伝子プロモーターのうち少なくとも一つのDNAと実質的に同等の活性を有するDNAが含まれる。

【 0 0 1 2 】

【発明の実施の形態】

本発明の形質転換植物は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれる乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNA(DREB遺伝子という)が連結された遺伝子（本明細書においてストレス耐性遺伝子と呼ぶこともある）を導入することにより作出した、発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ち（切花延命性）が向上された植物である。一例として、rd29Aプロモーターを用いた構成の遺伝子を示す（図１）。

【 0 0 1 3 】

（１）DREB遺伝子

本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子およびDREB2H遺伝子があり、これらを適宜使用することができる。DREB1A遺伝子は、DREB1A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki: Plant Cell 6: 251-264(1994)]のcDNA領域を、逆転写ポリメラーゼ連鎖反応(RT-PCRともいう)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型mRNAとしては、シロイヌナズナでMS培地 [Murashige and Skoog: Physiol. Plant. 15: 473-497 (1962)] などの固体培地に

播種し、無菌条件下で生育させた植物体を乾燥ストレス(例えば、脱水状態にする)に曝露した状態から調製したmRNAが挙げられる。

【0014】

またこれらの遺伝子は、特許第3178672号公報に記載されており、同公報の記載に従って取得することができる。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子の塩基配列をそれぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25および27に示す。また、DREB1A遺伝子、DREB1B遺伝子、DREB1C遺伝子、DREB1D遺伝子、DREB1E遺伝子、DREB1F遺伝子、DREB2A遺伝子、DREB2B遺伝子、DREB2C遺伝子、DREB2D遺伝子、DREB2E遺伝子、DREB2F遺伝子、DREB2G遺伝子、およびDREB2H遺伝子がコードするタンパク質のアミノ酸配列をそれぞれ配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26および28に示す。さらに、DREB1A又はDREB2A遺伝子を含む組換えベクターは、大腸菌K-12株に導入され、DREB1A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16936として、DREB2A遺伝子を含む大腸菌は、受託番号FERM P-16937として、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター(日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6)に、平成10年8月11日付けで寄託されている。さらに、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図2に、DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図3に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図4に、DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を図5に示した。このアラインメントは解析ソフトウェアとしてGENETYX-MAC version 12.0.0を用いた。また、DREB1DからDREB1FおよびDREB2CからDREB2Hの塩基配列およびアミノ酸配列ならびにそれらの発現解析については Biochem. Biophys. Res. Comm., 290: 998-1009(2002)に記載されており、本願発明のDREB遺伝子を得るに当たって該

文献を参照することもできる。

【0015】

図2のDREB1A遺伝子からDREB1F遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて54.7%である。また、DREB1BからDREB1Fの間に相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で51.2%である。さらに、DREB1AからDREB1Fの間ではDREB1Aの約100位の塩基から約400位の塩基までの配列に相当する配列部分に共通配列が多く、DREB1Aの100位から400位の間の塩基配列に相当する部分の相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eの間に約65%である。

【0016】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB1ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分またはDREB1BからDREB1Fの塩基配列のうち上記方法によりDREB1Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの第100位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは65%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【0017】

図2のDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB1AとDREB1BからDREB1Fの間の相同性は最も低くて43.9%である。また、DREB1BからDREB1Fの間に相同性が最も低いのはDREB1DとDREB1Eとの間で41.9%である。

【0018】

従って、DREB1AからDREB1Fのいずれかのアミノ酸配列と40%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB1ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB1Aタンパク質の約31番目のアミノ酸から約120番目のアミノ酸配列部分またはDREB1Bタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち上記方法によりDREB1Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB1Aの31番目のアミノ酸から120番目のアミノ酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB1AからDREB1Fの何れかとの相同性が少なくとも60%、好ましくは70%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB1Aタンパク質の85番目から93番目のアミノ酸配列(MAARAHQVA)および95番目から105番目のアミノ酸配列(ALRGRSACLNF)はDREB1Aタンパク質からDREB1Fタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【0019】

図4のDREB2A遺伝子からDREB2H遺伝子の塩基配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて39.4%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2GとDREB2Hとの間で38.4%である。

さらに、DREB2AからDREB2Hの間では約180位の塩基から約400位の塩基までの配列部分に共通配列が多い。

【 0 0 2 0 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかの塩基配列と50%以上の相同性を有する塩基配列からなり、DREB2ファミリーの遺伝子のDNAであるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分またはDREB2BからDREB2Hの塩基配列のうち上記方法によりDREB2Aの塩基配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの第180位から第400位の塩基配列部分に相当する塩基配列部分と相同性の高い塩基配列部分を有するDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも40%、好ましくは50%以上のDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記塩基配列部分を含むDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【 0 0 2 1 】

図5のDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列レベルでの配列比較より、DREB2AとDREB2BからDREB2Hの間の相同性は最も低くて26.1%である。また、DREB2BからDREB2Hの間で相同性が最も低いのはDREB2FとDREB2Gとの間で21.5%である。

【 0 0 2 2 】

従って、DREB2AからDREB2Hのいずれかのアミノ酸配列と20%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなるDREB2ファミリーに属するタンパク質をコードするDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。このようなDNAの中でも特にDREB2Aタンパク質の約61番目のアミノ酸から約130番目のアミノ酸配列部分またはDREB2Bタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミ

ノ酸配列のうち上記方法によりDREB2Aタンパク質のアミノ酸配列とアラインメントさせたときにDREB2Aの61番目のアミノ酸から130番目のアミノ酸配列部分に相当するアミノ酸配列部分と相同性の高いアミノ酸配列部分を有するタンパク質をコードするDNAを好適に用いることができ、該部分のDREB2AからDREB2Hの何れかとの相同性が少なくとも20%、好ましくは30%以上のタンパク質をコードするDNAを本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、少なくとも上記アミノ酸配列部分を含むタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。さらに、DREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質のアミノ酸配列のうち、DREB2Aタンパク質の88番目から98番目のアミノ酸配列(WGKWVAEIREP)はDREB2Aタンパク質からDREB2Hタンパク質に共通であり、この共通配列部分のすべてまたは一個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失または付加された配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント（DRE）に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【0023】

なお、ファミリーとはDREB1A～FおよびDREB2A～Hと分子系統的に関連がありアミノ酸配列レベルで一定の相同性を有する分子群に属する分子をいい、DREB1A～FおよびDREB2A～H以外のものを含む。

【0024】

また、図6にDREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図7にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを、図8にDREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを、図9にDREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントをそれぞれ示した。上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の各共通塩基配列、当該配列の縮重異性体、当該配列との相同性が80%以上のもの、当該配列に相補的な

DNAからなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズするもののうちのいずれからなるDNAは本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。また、上記のようなDREB1AやDREB2Aを基軸とした場合の共通アミノ酸配列、当該配列において1個もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、付加もしくは挿入された配列のいずれかのアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするDNAも本発明の乾燥ストレス応答性エレメント (DRE) に結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する転写因子をコードするDNAとして用いることができる。

【0025】

以下に、DREB1A～1Fの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB2A～2Hの間のアミノ酸レベルでの共通配列、DREB1A～1Fの間の塩基レベルでの共通配列、DREB2A～2Hの間の塩基配列レベルでの共通配列を示す。

【0026】

* DREB1A～1F アミノ酸レベル:

DREB1Aの30番目のアミノ酸がAであり、34～36番目のアミノ酸がP、K、Kであり、38～40番目のアミノ酸がA、G、Rであり、43番目のアミノ酸がFであり、45～49番目のアミノ酸がE、T、R、H、Pであり、51～53番目のアミノ酸がV、R、Gであり、55番目のアミノ酸がRであり、57番目のアミノ酸がRであり、61～63番目のアミノ酸がK、W、Vであり、65番目のアミノ酸がEであり、67～69番目のアミノ酸がR、E、Pであり、74番目のアミノ酸がRであり、76～79番目のアミノ酸がW、L、G、Tであり、82番目のアミノ酸がTであり、85～93番目のアミノ酸がM、A、A、R、A、H、D、V、Aであり、96～106番目のアミノ酸がA、L、R、G、R、S、A、C、L、N、Fであり、108～113番目のアミノ酸がD、S、A、W、R、Lであり、116番目のアミノ酸がPであり、124番目のアミノ酸がIであり、128番目のアミノ酸がAであり、130～132番目のアミノ酸がE、

A、Aであり、135番目のアミノ酸がFであり、186と187番目のアミノ酸がAとEであり、190番目のアミノ酸がLであり、194番目のアミノ酸がPであり、212～215番目のアミノ酸がS、L、W、Sである。

* DREB2A～2H アミノ酸レベル:

DREB2Aの63と64番目のアミノ酸がKとGであり、68～71番目のアミノ酸がG、K、G、Gであり、72番目のアミノ酸がPであり、74番目のアミノ酸がNであり、77番目がCであり、81～85番目のアミノ酸がG、V、R、O、Rであり、87～97番目のアミノ酸がW、G、K、W、V、A、E、I、R、E、Pであり、103～106番目のアミノ酸がL、W、L、Gであり、108番目のアミノ酸がFであり、114と115番目のアミノ酸がAとAであり、117～119番目のアミノ酸がA、Y、Dであり、121番目のアミノ酸がAであり、126と127番目のアミノ酸がYとGであり、130番目のアミノ酸がAであり、182と183番目のアミノ酸がLとNである。

* DREB1A～1F 塩基レベル:

DREB1Aの71番目の塩基がAであり、82番目の塩基がAであり、86番目の塩基がTであり、88と89番目の塩基がGとCであり、94番目の塩基がAであり、100と101番目の塩基が共にCであり、103～107番目の塩基がA、A、G、A、Aであり、109番目の塩基がCであり、112と113番目の塩基がGとCであり、115と116番目の塩基が共にGであり、119番目の塩基がGであり、121番目の塩基がAであり、127と128番目の塩基が共にTであり、133～137番目の塩基がG、A、G、A、Cであり、139～143番目の塩基がC、G、T、C、Aであり、145と146番目の塩基が共にCであり、149番目の塩基がTであり、151～158番目の塩基がT、A、C、A、G、A、G、Gであり、161番目の塩基がTであり、164番目の塩基がGであり、166番目の塩基がCであり、169と170番目の塩基がAとGであり、173番目の塩基がAであり、178番目の塩基がGであり、181と182番目の塩基が共にAであり、184～188番目の塩基がT、G、G、G、Tであり、190番目の塩基がTであり、193と194番目の塩基がGとAであり、197番目の塩基がTであり、200番目の塩基がGであり、202と203番目の塩基がGとAであり、205と206番目の塩基が共にCであり、208番目の塩基がAであり、212番目の塩基がAであり、215番目の塩基がAであり、221番目の塩基がGであり、224番目の塩基がTであり、226～228番目の塩基がT、G、Gであり、230番目の塩基がTであり、232と233番目の塩基が共にGであり、235と236番目の塩基がAとCであり、238番目の塩基がTであり、241番目の塩基がCであり、244と245番目の塩基がAとCであり、247番目の塩基がGであり、250と251番目の塩基がGとAであり、253～257番目の塩基がA、T、G、G、Cであり、259と260番目の塩基がGとCであり、262と263番目の塩基がCとGであり、265と266番目の塩基がGとCであり、268と269番目の塩基がCとAであり、271と272番目の

塩基が G と A であり、274 と 275 番目の塩基が G と T であり、277 と 278 番目の塩基が G と C であり、280 番目の塩基が G であり、284 番目の塩基が T であり、286 と 287 番目の塩基が G と C であり、289 と 290 番目の塩基が C と T であり、292 と 293 番目の塩基が C と G であり、295 と 296 番目の塩基が共に G であり、299 番目の塩基が G であり、301 と 302 番目の塩基が T と C であり、304 と 305 番目の塩基が G と C であり、307～309 番目の塩基が T、G、T であり、311 番目の塩基が T であり、313 と 314 番目の塩基が共に A であり、316～318 番目の塩基が T、T、C であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が G と A であり、325 と 326 番目の塩基が T と C であり、328～333 番目の塩基が G、C、T、T、G、G であり、335 番目の塩基が G であり、338 番目の塩基が T であり、340 番目の塩基が C であり、344 番目の塩基が T であり、346 と 347 番目の塩基が共に C であり、349 番目の塩基が G であり、353 番目の塩基が C であり、355 番目の塩基が A であり、362 番目の塩基が C であり、365 番目の塩基が A であり、370 と 371 番目の塩基が A と T であり、382 と 383 番目の塩基が G と C であり、386 番目の塩基が C であり、388～392 番目の塩基が G、A、A、G、C であり、394 と 395 番目の塩基が G と C であり、399 番目の塩基が G であり、403 と 404 番目の塩基が共に T であり、412 番目の塩基が G であり、428 と 429 番目の塩基が C と G であり、439 番目の塩基が G であり、445 番目の塩基が G であり、462 番目の塩基が G であり、483 と 484 番目の塩基が共に G であり、529 番目の塩基が G であり、533 番目の塩基が T であり、536 番目の塩基が C であり、545 番目の塩基が T であり、550 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が T であり、556 と 557 番目の塩基が G と C であり、559 と 560 番目の塩基が G と A であり、562 番目の塩基が G であり、569 番目の塩基が T であり、572 番目の塩基が T であり、575 と 576 番目の塩基が C と G であり、580 と 581 番目の塩基が共に C であり、582 番目の塩基が G であり、586 と 587 番目の塩基が G と T であり、593 番目の塩基が T であり、599 と 600 番目の塩基が G と A であり、602 番目の塩基が A であり、608 番目の塩基が A であり、613 と 614 番目の塩基が G と A であり、616 番目の塩基が G であり、619 番目の塩基が G であり、625 と 626 番目の塩基が G と A であり、628 番目の塩基が G であり、632 番目の塩基が T であり、634 と 635 番目の塩基が T と C であり、638 番目の塩基が T であり、640～644 番目の塩基が T、G、G、A、G であり、646 番目の塩基が T である。

* DREB2A～2H 塩基レベル:

DREB2A の 181 番目の塩基が T であり、184 番目の塩基が A であり、187 と 188 番目の塩基が共に A であり、190～192 番目の塩基が G、G、T であり、202 と 203 番目の塩基が共に G であり、205～209 番目の塩基が A、A、A、G、G であり、211 と 212 番目の塩基が共に G であり、214 と 215 番目の塩基が共に C であり、218 番目の塩基が A であり、220 と 221 番目の塩基が共に A であり、229 番目の塩基が T であり、230 番目の塩基が G であり、235 番目の塩基が T であり、241 と 242 番目の塩基が共に G であり、244 と 245

番目の G と T であり、248 番目の塩基が G であり、250 と 251 番目の塩基が C と A であり、254 番目の塩基が G であり、259～263 番目の塩基が T、G、G、G、G であり、265～272 番目の塩基が A、A、A、T、G、G、G、T であり、274 と 275 番目の塩基が G と C であり、277～281 番目の塩基が G、A、G、A、T であり、284 番目の塩基が G であり、286 と 287 番目の塩基が G と A であり、289 と 290 番目の塩基が共に C であり、299 番目の塩基が G であり、308 番目の塩基が T であり、310～314 番目の塩基が T、G、G、C、T であり、316 と 317 番目の塩基が共に G であり、320 番目の塩基が C であり、322 と 323 番目の塩基が共に T であり、328 番目の塩基が A であり、332 番目の塩基が C であり、338 番目の塩基が A であり、340 と 341 番目の塩基が G と C であり、348 と 344 番目の塩基が G と C であり、349～353 番目の塩基が G、C、T、T、A であり、355 と 356 番目の塩基が G と A であり、361 と 362 番目の塩基が G と C であり、365 番目の塩基が C であり、374 番目の塩基が T であり、376 と 377 番目の塩基が T と A であり、379 と 380 番目の塩基が共に G であり、388 と 389 番目の塩基が G と C であり、395 番目の塩基が T であり、397 と 398 番目の塩基が共に A であり、401 番目の塩基が A であり、554 番目の塩基が A であり、572 番目の塩基が T である。

【0027】

上記各種遺伝子をコードするアミノ酸配列からなるタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、当該アミノ酸配列において少なくとも1個またはそれ以上（複数個、数個）のアミノ酸に欠失、置換、付加などの変異が生じたタンパク質をコードするDREB1かDREB2のファミリー以外の変異型遺伝子は各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。

【0028】

例えば、これらのアミノ酸配列の少なくとも1個、好ましくは1～160個、さらに好ましくは1～40個、さらにより好ましくは1～20個、最も好ましくは1～5個のアミノ酸が他のアミノ酸に置換したタンパク質をコードする遺伝子も、当該タンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、本発明に用いることができる。

【0029】

また、上記各種遺伝子のDNAに相補的なDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAも、当該DNAがコードするタンパク質がDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、各々の遺伝子と同等のものとして本発明に用いることができる。ストリンジェントな条件とは、例

例えばナトリウム濃度が、10mM～300mM、好ましくは20～100mMであり、温度が25℃～70℃、好ましくは42℃～55℃での条件をいう[Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989)Cold Spring Harbor Lab. Press, New York)]。

【 0 0 3 0 】

なお、変異型遺伝子は、Kunkel法や Gapped duplex法などの公知の手法又はこれに準ずる方法により、例えば部位特異的突然変異誘発法を利用した変異導入用キット（例えばMutant-K(TAKARA社製)やMutant-G(TAKARA社製)など）を用いて、あるいは、TAKARA社のLA PCR in vitro Mutagenesis シリーズキットを用いて作製することができる。上記突然変異誘発法については、DREB遺伝子の塩基配列を参照すれば、Molecular Cloning (Sambrookら編集(1989) 15 Site-directed Mutagenesis of Cloned DNA, 15.3～15.113 Cold Spring Harbor Lab. Press, New York) 等の文献の記載に従って当業者であれば格別の困難性なしに選択し実施することにより、上記変異型遺伝子を製造することができることは明らかである。さらに当業者であれば、DREB遺伝子の塩基配列を基にして、当該塩基配列から1以上（1または数個以上）の塩基の置換、欠失、挿入又は付加を人為的に行う技術（部位特異的突然変異誘発）については、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81(1984)5662-5666、W085/00817、Nature 316(1985)601-605、Gene 34(1985)315-323、Nucleic Acids Res. 13(1985)4431-4442、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79(1982)6409-6413、Science 224(1984)1431-1433等に記載の技術に従って変異体を取得し、これを利用することができる。

【 0 0 3 1 】

さらに、本発明のDREB遺伝子には、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する機能を有する限り、上記のDREB各遺伝子の塩基配列やそれらの各共通塩基配列と80%以上、好ましくは90%以上、より好ましくは94%以上、最も好ましくは99%以上の相同性を有する塩基配列（変異体）も含まれる。ここで、このような相同性の数値は、塩基配列比較用プログラム：例えばGENETYX-MAC version 12.0.0を用いて、デフォルト（初期設定）のパラメーターにより算出されるものである。

【 0 0 3 2 】

このようなDREB遺伝子の塩基配列を含むDNA又はその部分の変異体は、DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性を有していればよく、その活性の高さは特に限定されないが、それぞれ、該塩基配列を含むDNA又はその部分のDREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有することが好ましい。ここで、これらのDNA又はその部分の「DREに結合しDRE下流の遺伝子の転写を活性化する活性と同等の活性を実質的に有する」とは、該活性を利用した実際の使用態様において、これらのDNA又はその部分と、同一の条件ではほぼ同様の利用が可能な程度の活性が維持されていることをいう。また、ここでいう該活性は、例えば植物細胞や植物体、好ましくは双子葉植物の細胞や植物体における活性、より好ましくはキク植物の細胞や植物体における活性、最も好ましくはキク栽培品種リネカー (*Chrysanthemum morifolium* cv. Lineker又は*Dendranthema grandiflorum* cv. Lineker) 植物の細胞や植物体における活性をいう。これらの活性の測定は、特許第3178672号公報記載の方法に従って行うことができる。

【0033】

一旦DREB遺伝子の塩基配列が確定されると、その後は化学合成によって、又は本遺伝子のcDNAもしくはゲノムDNAを鋳型としたPCRによって、あるいは該塩基配列を有するDNA断片をプローブとしてハイブリダイズさせることにより、DREB遺伝子を得ることができる。

【0034】

DREB遺伝子は、転写を活性化するタンパク質をコードする遺伝子であるため、該遺伝子を導入した植物は、発現されたDREBタンパク質の作用で種々の遺伝子が活性化され、それに伴うエネルギー消費の増大や代謝の活性化により植物自身の生育が抑制される場合がある。これを防止するため、ストレス負荷時にのみDREB遺伝子が発現されるように、ストレス応答性プロモーターをDREB遺伝子上流に連結することが考えられる。例えば、そのようなプロモーターとしては、例えば以下のものが挙げられる。

rd29A遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al. : Plant Cell, 6:251-264 (1994)]、rd29B遺伝子プロモーター[Yamaguchi-Shinozaki, K. et al. : Pla

nt Cell, 6:251-264 (1994)]、rd17遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al. : Plant Physiol., 115:1287(1997)]、rd22遺伝子プロモーター[Iwasaki, T. et al. : Mol. Gen. Genet., 247:391-398(1995)]、DREB1A遺伝子プロモーター[Shinwari, Z.K. et al. : Biochem. Biophys. Res. Com. 250:161-170(1998)]、cor6.6遺伝子プロモーター[Wang, H. et al. : Plant Mol. Biol. 28:619-634(1995)]、cor15a遺伝子プロモーター[Baker, S.S. et al. : Plant Mol. Biol. 24:701-713(1994)]、erd1遺伝子プロモーター[Nakashima K. et al. : Plant J. 12:851-861(1997)]、およびkin1遺伝子プロモーター[Wang, H. et al. : Plant Mol. Biol. 28:605-617(1995)]である。

【 0 0 3 5 】

但し、ストレス応答性であり、且つ植物細胞や植物体内で機能するものであれば、上記プロモーターに限定されるものではない。なお、これらのプロモーターは、該プロモーターを含むDNAの塩基配列に基づいて設計したプライマーを用いて、ゲノムDNAを鋳型として、PCRによる増幅反応によって得ることができる。具体的には、乾燥ストレス耐性遺伝子の1つであるrd29A遺伝子[Kazuko Yamaguchi-Shinozaki and Kazuo Shinozaki : Plant Cell 6 : 251-264(1994)]のプロモーター領域(rd29A遺伝子の翻訳開始点から-215~-145の領域)を、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)を行い、増幅することにより得ることができる。ここでPCRに用いることができる鋳型DNAとしては、例えばシロイヌナズナのゲノムDNAが挙げられるが、何等これに限定されるものではない。

【 0 0 3 6 】

本発明に使用されるストレス応答性プロモーターにDREB遺伝子が連結した遺伝子として例えばrd29A-DREB1Aが挙げられるが、該遺伝子は特許第3178672号公報の実施例5に記載されている植物プラスミドpBI29AP:DREB1Aに由来するもので Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 287-291(1999)]でも報告されているストレス耐性遺伝子である。

【 0 0 3 7 】

このようなプロモーターについても上記DREB遺伝子同様、プロモーター活性を有する限りにおいて種々の変異体のものを用いることが出来る。該変異体の作成

は、上記DREB遺伝子の記載同様、上記各種プロモーターに関わる文献に記載の塩基配列を参照すれば、当業者であれば格別の困難性なしに実施できる。上記のように取得した変異体がプロモーターとしての活性を有するか否か、さらには、プロモーターを含むDNA又はその部分のプロモーター活性を実質的に保持するか否かは、以下の実施例の記載に従って有用なDREB遺伝子を繋いで宿主細胞内で発現させることにより、各種バイオアッセイ（耐塩性、発根性、切花延命性等）により確かめることができ、このような方法は当業者であれば適宜行うことができる。

【0038】

従って各種の植物細胞や植物体での使用目的に応じて、上記の各種ストレス応答性プロモーターや各種DREB遺伝子を適宜組合わせて選択使用し活性確認することができる。

【0039】

また、必要に応じて転写終結を指令するターミネーターをDREB遺伝子の下流に連結することもできる。ターミネーターとしては、カリフラワーモザイクウイルス由来やノパリン合成酵素遺伝子ターミネーターなどが挙げられる。但し、植物体内で機能することが知られているターミネーターであればこれに限定されるものではない。

【0040】

また、必要に応じてプロモーター配列とDREB遺伝子の間に、遺伝子の発現を増強させる機能を持つイントロン配列、例えばトウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ(Adh1)のイントロン[Genes & Development 1:1183-1200(1987)]を導入することができる。

【0041】

(2) 形質転換植物を作成するためのDNA鎖

本発明の形質転換植物を作成するために、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAを含んでなるDNA鎖が用いられる。本発明によるDNA鎖の具体的形態は、例えばプラスミド又はファージDNA中の構成要素の一部として、本発明のストレス応答性プロモーターとDREB遺伝子が連結したDNAが挿入さ

れた形態であってよい。

【0042】

本発明のDNA鎖はさらに、翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン、ターミネーター等の構成要素を含むことができる。翻訳エンハンサー、翻訳終止コドン及びターミネーターとしては、公知のものを適宜組み合わせて用いることができる。ウイルス起源の翻訳エンハンサーとしては、例えば、タバコモザイクウイルス、アルファルファモザイクウイルスRNA 4、プロモモザイクウイルスRNA 3、ポテトウイルス X、タバコエッチウイルスなどの配列が挙げられる[Gallieら、Nuc. Acid s Res., 15 (1987) 8693-8711]。また、植物起源の翻訳エンハンサーとして、ダイズの β -1, 3 グルカナーゼ (Glu) 由来の配列[石田功、三沢典彦著、講談社サイエンティフィク編、細胞工学実験操作入門、講談社、p.119、1992]やタバコのフェレドキシン結合性サブユニット (PsaDb) 由来の配列[Yamamotoら、J. Bio l. Chem., 270 (1995) 12466-12470]などが挙げられる。翻訳終止コドンとしてはTAA, TAG, TGAなどの配列が挙げられる[Molecular Cloning 前出等の記載]。ターミネーターとしては、例えば、nos遺伝子のターミネーター、ocs遺伝子のターミネーターなどが挙げられる[Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 44 (1993) 985-994、"Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]。また、プロモーター中の転写エンハンサーとして、35Sのエンハンサー部分が同定され、それらを複数個並べて繋げることにより、活性を高めることが報告されており[Plant Cell, 1 (1989) 141-150]、この部分をDNA鎖の一部として用いることも可能である。これらの各種構成要素は、その性質に応じて、それぞれが機能し得る形でDNA鎖中に組み込まれることが好ましい。そのような操作は、当業者であれば適切に行うことができる。

【0043】

上記DNA鎖は、遺伝子工学の分野で慣用されている手法を用いることにより、当業者であれば容易に製造することができる。また、本発明のDNA鎖は、天然の供給源から単離されたものに限定されるものではなく、上記のような構造を有するものであれば、人工的な構築物であってもよい。該DNA鎖は、周知慣用されている核酸合成の方法に従って合成する事により、得ることができる。

【0044】**(3) 植物の形質転換**

上記(1)において得られた遺伝子によって宿主を形質転換し、得られる形質転換体を培養又は栽培することにより、ストレス応答性エレメント下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質を発現することができ、植物苗の増殖効率および切花の花持ちが改善された形質転換植物体を作製することができる。

【0045】

形質転換後の本発明の前記DNA鎖は、プラスミド、ファージ又はゲノムDNAの中に挿入された形で、微生物（特に細菌）、ファージ粒子又は植物の中に存在することができる。ここで、細菌としては、典型的には、大腸菌、アグロバクテリウム等が挙げられるが、これらに限定されるものではない。

【0046】

本発明の好ましい実施形態では、本発明のDNA鎖は、タンパク質を発現させようとしている構造遺伝子が、植物体中で安定に発現し得るように、本発明のDNA（プロモーター）、翻訳エンハンサー、構造遺伝子DNA、翻訳終止コドン、及びターミネーター等とが一体に結合して、これがゲノムに挿入された形態で植物中に存在する。

【0047】

宿主の好ましい例としては、イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、バレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物などの細胞が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等の植物細胞などが挙げられる。また、具体的な植物材料としては、例えば、生長点、苗条原基、分裂組織、葉片、茎片、根片、塊茎片、葉柄片、プロトプラスト、カルス、蒴、花粉、花粉管、花柄片、花茎片、花卉、がく片等が挙げられる。

【0048】

宿主に外来遺伝子を導入する方法としては、既に報告され、確立されている種

々の方法を適宜利用することができる。その好ましい例として、例えば、生物学的方法としては、ウイルス、アグロバクテリウムのTiプラスミド、Riプラスミド等をベクターとして用いる方法が挙げられ、物理学的方法としては、エレクトロポレーション、ポリエチレングリコール、パーティクルガン、マイクロインジェクション["Plant genetic transformation and gene expression; a laboratory manual"前出]、シリコンニトリドウイスキー、シリコンカーバイドウイスキー[Euphytica 85(1995)75-80、In Vitro Cell. Dev. Biol. 31(1995) 101-104、Plant Science 132(1998)31-43]によって遺伝子を導入する方法等が挙げられる。該導入方法については、当業者であれば適宜選択し、使用することができる。

【0049】

さらに、本発明のDNA鎖で形質転換された植物細胞を再生させることにより、導入された遺伝子とその細胞内で発現する形質転換植物を作成することができる。このような操作は、植物細胞から植物体への再生方法として一般的に知られている方法により、当業者であれば容易に行うことができる。植物細胞から植物体への再生については、例えば、[植物細胞培養マニュアル]や[山田康之編著、講談社サイエンティフィク、1984]等の文献を参照されたい。

【0050】

一般に、植物に導入した遺伝子は、宿主植物のゲノム中に組み込まれるが、その場合、導入されるゲノム上での位置が異なることにより導入遺伝子の発現が異なるポジションイフェクトと呼ばれる現象が見られる。導入遺伝子がより強く発現している形質転換体は、導入遺伝子のDNA断片をプローブとして用いるノーザン法により宿主植物中に発現しているmRNAレベルを検定することによって選抜することができる。

【0051】

本発明に用いる遺伝子を導入した形質転換体植物に目的の遺伝子が組み込まれていることの確認は、これらの細胞及び組織から常法に従ってDNAを抽出し、公知のPCR法又はサザン分析を用いて導入した遺伝子を検出することにより行うことができる。

【0052】

(4) 本発明の形質転換植物

本発明は、ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物体を提供する。イネ、ムギ、トウモロコシ、ネギ、ユリ、ラン等の単子葉植物、ダイズ、ナタネ、トマト、バレイショ、キク、バラ、カーネーション、ペチュニア、カスミソウ、シクラメン等の双子葉植物が挙げられ、特に好ましい具体例としては、世界での生産流通消費数量が多い3大切花であるキク、カーネーション、バラや近年栄養系でも世界的に生産流通消費量が飛躍的に伸びているペチュニア等がある。本発明は増殖効率および発根率が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の挿し穂、ならびに花持ち（切花延命性）が非形質転換植物に比較して向上した上記植物の形質転換植物体の切り花をも提供する。ここで、「挿し穂」とは挿木の目的で、植物体から切り取って挿すようにした枝、梢、茎および葉等をいい、「切花」とは枝、茎をつけたまま切り取った花をいう。

【0053】

(5) 挿し穂増殖効率および花持ち試験

本発明の形質転換植物は、挿し穂増殖効率、発根率および花持（切花延命性）が非形質転換植物に比較して向上している。

形質転換体植物の挿し穂増殖効率、発根率および花持ち（切花延命性）の評価は、植物生産の状態と同じ条件で効率を測定することによって評価することができる。例えば、キクにおける挿し穂増殖効率や発根率は、挿し穂を挿し穂用土に挿し2～4週間後の生育状態を調べることで、またその後鉢上げをしその成長は茎長などを測ることにより評価することができる。花持ちについては、鉢上げ後約4週間長日栽培し、その後約8週短日栽培を行い開花させる。キクを刈り取り1日暗所に放置後、水に生けその後の状態を観察することにより評価することができる。キクの一般的栽培法は、船越桂市編[切り花栽培の新技术 改訂キク1989誠文堂新光社]を参照されたい。

【0054】

【実施例】

以下に本発明を実施例によって説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

〔実施例1〕 DREB1A遺伝子を発現するキク植物体の作製

Kasugaらの報告[Nature Biotech., 17 (1999) 287-291]に記述されているrd29A-DREB1A発現ベクターを図1に記述する。このベクターをエレクトロポレーション法により、アグロバクテリウム・ツメファシエンスAGL0株に導入した。rd29A-DREB1Aを含むアグロバクテリウム・ツメファシエンスAGL0株を下記のYEB-Km培地3mlに接種し、28℃で16時間、暗所で培養した後、遠心により集菌し、下記の感染培地10mlに懸濁して、これを感染液とした。YEB-Km培地及び感染培地の培地組成は、以下の通りである。

【0055】

<p><u>YEB-Km 培地</u> ; 5g/l ビーフエキス、1g/l 酵母エキス、5g/l ペプトン、5g/l スクロース、2mM 硫酸マグネシウム (pH7.2)、50mg/l カナマイシン (Km)。</p> <p><u>感染培地</u> ; 1/2 濃度の MS [Murashige & Skoog, Physiol. Plant., 15 (1962) 473-497] 培地の無機塩及びビタミン類、15g/l スクロース、10g/l グルコース、10mM MES (pH5.4)。</p>
--

【0056】

キクの栽培品種である、リネカー (Chrysanthemum morifolium cv. Lineker又はDendranthema grandiflorum cv. Lineker) の無菌個体の葉を5-7mm角に切断し、rd29A-DREB1A発現ベクターを導入したアグロバクテリウム感染液に10分間浸し、過剰な感染液を濾紙上で拭き取った後、下記の共存培地に移植して25℃の暗所で培養した。3日間培養した後、下記の選択培地に移植して3週間培養することにより、Km耐性のカルスを得た。選択培地での培養は25℃、16時間照明 (光密度 $32 \mu\text{E}/\text{m}^2 \text{ s}$) / 8時間無照明の条件下で行った。

【0057】

共存培地；MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5.8)、200 μ M アセトシリゴン。

選択培地；MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、1mg/l ナフタレン酢酸、2mg/l ベンジルアデニン、8g/l 寒天、5mM MES (pH5.8)、25mg/l カナマイシン (Km)、300mg/l セフトキシム。

【0058】

得られたKm耐性のカルスからKmを含む選択培地で、植物体を再生させた。さらに、発根を促進するために、選択培地から植物生長調節物質（ナフタレン酢酸、ベンジルアデニン）を除いた発根促進培地で生長させた。

【0059】

生長した植物体の中からDREB遺伝子を含む個体を、PCRを行うことによって検出し、該再分化植物体が形質転換体であることを確認した。ここで、DREB遺伝子特有の配列を特異的に増幅するプライマーとして、GAGTCTTCGGTTTCCTCA（配列番号29）、及びCGATACGTCGTCATCATC（配列番号30）を用いた。PCRの反応条件は、94℃で5分間の加熱後、94℃（30秒）－55℃（1分）－72℃（1分）のサイクルを30回行い、最後に72℃で10分間反応させた。この反応では、酵素としてTaqポリメラーゼ（宝酒造社製）を用いた。

これにより、同遺伝子が導入されたキク13系統が取得できた。

【0060】

〔実施例2〕 耐塩性試験

非形質転換体リネカーと実施例1で得られた形質転換体リネカーすべてを下記（in vitro）の生育培地にNaClを0.1, 0.2, 0.4M添加したものに2-3枚の展開した葉をもつ頂芽を置床し2週間後の発根を観察した。rd29A-DREB1A遺伝子を導入していないものは0.2Mで発根が見られなくなったが、DREB遺伝子を導入したものは、系統14を除きすべて0.2Mで発根が認められ系統9では0.4Mでも発根が認められた。非形質転換体、系統番号9、系統番号10について以下の表1に示す。

【0061】

生育培地: MS 培地の無機塩及びビタミン類、30g/l スクロース、5mM MES (pH5.8)

【0062】

【表1】

耐塩性試験

系統番号	添加塩濃度(M)			
	0	0.1	0.2	0.4
9	+	+	+	+
10	+	+	+	-
非形質転換体	+	+	-	-

【0063】

【実施例3】 挿し穂増殖およびその後の成長試験

非形質転換体リネカーと【実施例1】で得られた形質転換体リネカーのうち系統9と系統10を温室で馴化し、挿し穂をとるための母株を作成した。それぞれから20本ずつの挿し穂をとり、十分湿らせた発根用土（赤玉土：鹿沼土＝1：1）に挿して通気性のある保湿カバーをし温室内で栽培した。21日後、発根用土から根を痛めないように回収し発根状態を観察した。発根が認められないもの（無）、発根量の大きいものから少なく小さいものを順に（大・中・小）で分類しその数を記述した結果を以下の表2と図10に示す。驚くべきことにrd29A-DREB1A遺伝子の導入された系統9と系統10については非形質転換体リネカーに比べ、発根性が著しく向上した。

【0064】

【表 2】

挿し穂生産時の発根性試験

系統番号	発根状態（個体数）				計
	大	中	小	無	
9	4	10	5	1	20
10	6	7	6	1	20
非形質転換体	1	8	7	4	20

【0065】

また、別に上記と同様の方法で挿し穂を18-20個体取得し、そのうち発根が良好なもの（上記区分で大と中）から10個体を選びビニールポットに定植した。その後の成長を検討するために茎長をはかることで記録したものが図11である。この図からもわかるように、rd29A-DREB1A遺伝子の導入された系統9と系統10については非形質転換体リネカーに比べ、発根性がよいだけでなくその後の生育も良好であることが示された。

【0066】

〔実施例4〕 花持ち試験

実施例3で得られた非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーの系統9と系統10のそれぞれ10個体を、その後、長日（明期18時間暗期6時間）条件で4週間長日栽培し、その後短日条件（明期10時間暗期14時間）で開花させた。先端の4-5輪開花した後、地上部を切断した。2時間30分、水道水の入ったバケツに挿し冷暗所に保存した。その後、17時間出荷用のダンボールにいれ室温で放置したのち水道水で生け、花持ち試験を行った。条件は11時間30分間、室内の蛍光灯を連続点灯した場所に放置し、2-3日ごとに生けている水道水を交換した。

【0067】

花持ち試験開始、約2週間においては、非形質転換体リネカーと形質転換体リネカーでは差は認められなかったが、16日後に両形質転換系統では、切口の数センチ上部の茎より発根を認め、22日後では、非形質転換系統では全く見られなかった発根が、形質転換系統の大部分の個体で発根が観察できた（図12、表3）。それに従い、発根した個体は発根していない個体と比較して明らかに植物の状

態（花や茎・葉においての勢い・しおれ）が良く花持ちの延長が見られた（表4）。

【0068】

【表3】

花持ち試験時の発根状態

系統番号	発根個体数				計
	開始後（日）	1	16	22	
9		0	8	8	10
10		0	2	9	10
非形質転換体		0	0	0	10

【0069】

【表4】

花持ち試験開始 22 日目での切り花の状態（個体数）

系統番号	花の状態*1		茎・葉の状態*2		計
	良好	不良	良好	不良	
9	8	2	8	2	10
10	9	1	9	1	10
非形質転換体	0	10	0	10	10

いずれも良好な状態を示した個体は発根していた。

【0070】

【発明の効果】

実施例に示すように、乾燥ストレス応答性エレメント(DRE; dehydration responsive element)に結合しDRE下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAをストレス応答性プロモーターの下流に連結した遺伝子（ストレス耐性遺伝子）を用いて形質転換を行った植物は、非形質転換植物に比較して発根率が向上し、および／または切花の花持ちが延長されている。また、該形質転換植物は発根後の生長も良好である。従って、本発明のDREB遺伝子を植物に導入する方法は、挿し木増殖での効率や発根率を高め、切花の花持ちが延長された植物の開発に有用である。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Kirin Beer Kabushiki Kaisha; Japan International Research Center for Agricultural Sciences

<120> A production of plants having improved rooting efficiency and vase life by using environmental stress-resistant gene

<130> P02-0988

<140>

<141>

<160> 30

<210> 1

<211> 933

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(766)

<400> 1

cctgaactag aacagaaaga gagagaaact attatttcag caaacctaac caacaaaaaa 60

gacagagatc ttttagttac cttatccagt ttcttgaaac agagtactct tctgatca 118

atg aac tca ttt tct gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag 166

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu

1	5	10	15	
tct tcg gtt tcc tca ggc ggt gat tat att ccg acg ctt gcg agc agc	214			
Ser Ser Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ile Pro Thr Leu Ala Ser Ser				
20	25	30		
tgc ccc aag aaa ccg gcg ggt cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac	262			
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His				
35	40	45		
cca ata tac aga gga gtt cgt cgg aga aac tcc ggt aag tgg gtt tgt	310			
Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Arg Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys				
50	55	60		
gag gtt aga gaa cca aac aag aaa aca agg att tgg ctc gga aca ttt	358			
Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe				
65	70	75	80	
caa acc gct gag atg gca gct cga gct cac gac gtt gcc gct tta gcc	406			
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala				
85	90	95		
ctt cgt ggc cga tca gcc tgt ctc aat ttc gct gac tcg gct tgg aga	454			
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg				
100	105	110		
ctc cga atc ccg gaa tca act tgc gct aag gac atc caa aag gcg gcg	502			
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala				
115	120	125		
gct gaa gct gcg ttg gcg ttt cag gat gag atg tgt gat gcg acg acg	550			
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr				
130	135	140		
gat cat ggc ttc gac atg gag gag acg ttg gtg gag gct att tac acg	598			
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr				
145	150	155	160	
gcg gaa cag agc gaa aat gcg ttt tat atg cac gat gag gcg atg ttt	646			

Ala Glu Gln Ser Glu Asn Ala Phe Tyr Met His Asp Glu Ala Met Phe
 165 170 175
 gag atg ccg agt ttg ttg gct aat atg gca gaa ggg atg ctt ttg ccg 694
 Glu Met Pro Ser Leu Leu Ala Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro
 180 185 190
 ctt ccg tcc gta cag tgg aat cat aat cat gaa gtc gac ggc gat gat 742
 Leu Pro Ser Val Gln Trp Asn His Asn His Glu Val Asp Gly Asp Asp
 195 200 205
 gac gac gta tcg tta tgg agt tat taaaactcag attattattt ccatttttag 796
 Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr
 210 215
 tacgatactt tttatatttat tattatatttt agatcctttt ttagaatgga atcttcatta 856
 tgtttgtaaa actgagaaac gagtgtaaat taaattgatt cagtttcagt ataaaaaaaa 916
 aaaaaaaaaa aaaaaaa 933

<210> 2

<211> 216

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu
 1 5 10 15
 Ser Ser Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ile Pro Thr Leu Ala Ser Ser
 20 25 30
 Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His
 35 40 45
 Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Arg Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys
 50 55 60

Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe
65 70 75 80
Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala
85 90 95
Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg
100 105 110
Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala
115 120 125
Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Met Cys Asp Ala Thr Thr
130 135 140
Asp His Gly Phe Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr Thr
145 150 155 160
Ala Glu Gln Ser Glu Asn Ala Phe Tyr Met His Asp Glu Ala Met Phe
165 170 175
Glu Met Pro Ser Leu Leu Ala Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro
180 185 190
Leu Pro Ser Val Gln Trp Asn His Asn His Glu Val Asp Gly Asp Asp
195 200 205
Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr
210 215

<210> 3

<211> 1437

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> CDS

<222> (167)..(1171)

<400> 3

gctgtctgat aaaaagaaga ggaaaactcg aaaaagctac acacaagaag aagaagaaaa 60
 gatacgagca agaagactaa acacgaaagc gatttatcaa ctcgaaggaa gagactttga 120
 ttttcaaatt tcgtccccta tagatttgtgt tgtttctggg aaggag atg gca gtt 175

Met Ala Val

1

tat gat cag agt gga gat aga aac aga aca caa att gat aca tcg agg 223
 Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp Thr Ser Arg

5

10

15

aaa agg aaa tct aga agt aga ggt gac ggt act act gtg gct gag aga 271
 Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val Ala Glu Arg

20

25

30

35

tta aag aga tgg aaa gag tat aac gag acc gta gaa gaa gtt tct acc 319
 Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu Val Ser Thr

40

45

50

aag aag agg aaa gta cct gcg aaa ggg tcg aag aag ggt tgt atg aaa 367
 Lys Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Lys

55

60

65

ggt aaa gga gga cca gag aat agc cga tgt agt ttc aga gga gtt agg 415
 Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ser Arg Cys Ser Phe Arg Gly Val Arg

70

75

80

caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gct gag atc aga gag cct aat cga 463
 Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg

85

90

95

ggt agc agg ctt tgg ctt ggt act ttc cct act gct caa gaa gct gct 511
 Gly Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Gln Glu Ala Ala

100

105

110

115

tct gct tat gat gag gct gct aaa gct atg tat ggt cct ttg gct cgt 559

Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Ala Met Tyr Gly Pro Leu Ala Arg
 120 125 130
 ctt aat ttc cct cgg tct gat gcg tct gag gtt acg agt acc tca agt 607
 Leu Asn Phe Pro Arg Ser Asp Ala Ser Glu Val Thr Ser Thr Ser Ser
 135 140 145
 cag tct gag gtg tgt act gtt gag act cct ggt tgt gtt cat gtg aaa 655
 Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Thr Pro Gly Cys Val His Val Lys
 150 155 160
 aca gag gat cca gat tgt gaa tct aaa ccc ttc tcc ggt gga gtg gag 703
 Thr Glu Asp Pro Asp Cys Glu Ser Lys Pro Phe Ser Gly Gly Val Glu
 165 170 175
 ccg atg tat tgt ctg gag aat ggt gcg gaa gag atg aag aga ggt gtt 751
 Pro Met Tyr Cys Leu Glu Asn Gly Ala Glu Glu Met Lys Arg Gly Val
 180 185 190 195
 aaa gcg gat aag cat tgg ctg agc gag ttt gaa cat aac tat tgg agt 799
 Lys Ala Asp Lys His Trp Leu Ser Glu Phe Glu His Asn Tyr Trp Ser
 200 205 210
 gat att ctg aaa gag aaa gag aaa cag aag gag caa ggg att gta gaa 847
 Asp Ile Leu Lys Glu Lys Glu Lys Gln Lys Glu Gln Gly Ile Val Glu
 215 220 225
 acc tgt cag caa caa cag cag gat tcg cta tct gtt gca gac tat ggt 895
 Thr Cys Gln Gln Gln Gln Gln Asp Ser Leu Ser Val Ala Asp Tyr Gly
 230 235 240
 tgg ccc aat gat gtg gat cag agt cac ttg gat tct tca gac atg ttt 943
 Trp Pro Asn Asp Val Asp Gln Ser His Leu Asp Ser Ser Asp Met Phe
 245 250 255
 gat gtc gat gag ctt cta cgt gac cta aat ggc gac gat gtg ttt gca 991
 Asp Val Asp Glu Leu Leu Arg Asp Leu Asn Gly Asp Asp Val Phe Ala
 260 265 270 275

ggc tta aat cag gac cgg tac ccg ggg aac agt gtt gcc aac ggt tca 1039
 Gly Leu Asn Gln Asp Arg Tyr Pro Gly Asn Ser Val Ala Asn Gly Ser
 280 285 290
 tac agg ccc gag agt caa caa agt ggt ttt gat ccg cta caa agc ctc 1087
 Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu Gln Ser Leu
 295 300 305
 aac tac gga ata cct ccg ttt cag ctc gag gga aag gat ggt aat gga 1135
 Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp Gly Asn Gly
 310 315 320
 ttc ttc gac gac ttg agt tac ttg gat ctg gag aac taaacaaaac 1181
 Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn
 325 330 335
 aatatgaagc tttttggatt tgatatattgc cttaatccca caacgactgt tgattctcta 1241
 tccgagtttt agtgatatag agaactacag aacacgtttt ttcttgttat aaaggtgaac 1301
 tgtatatatc gaaacagtga tatgacaata gagaagacaa ctatagtttg ttagtctgct 1361
 tctcttaagt tggtcttttag atatgtttta tgttttgtaa caacaggaat gaataataca 1421
 cacttgtaaa aaaaaa 1437

<210> 4

<211> 335

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 4

Met Ala Val Tyr Asp Gln Ser Gly Asp Arg Asn Arg Thr Gln Ile Asp
 1 5 10 15
 Thr Ser Arg Lys Arg Lys Ser Arg Ser Arg Gly Asp Gly Thr Thr Val
 20 25 30
 Ala Glu Arg Leu Lys Arg Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Thr Val Glu Glu

35	40	45
Val Ser Thr Lys Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly		
50	55	60
Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ser Arg Cys Ser Phe Arg		
65	70	75
Gly Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu		
85	90	95
Pro Asn Arg Gly Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Gln		
100	105	110
Glu Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Ala Met Tyr Gly Pro		
115	120	125
Leu Ala Arg Leu Asn Phe Pro Arg Ser Asp Ala Ser Glu Val Thr Ser		
130	135	140
Thr Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Thr Pro Gly Cys Val		
145	150	155
His Val Lys Thr Glu Asp Pro Asp Cys Glu Ser Lys Pro Phe Ser Gly		
165	170	175
Gly Val Glu Pro Met Tyr Cys Leu Glu Asn Gly Ala Glu Glu Met Lys		
180	185	190
Arg Gly Val Lys Ala Asp Lys His Trp Leu Ser Glu Phe Glu His Asn		
195	200	205
Tyr Trp Ser Asp Ile Leu Lys Glu Lys Glu Lys Gln Lys Glu Gln Gly		
210	215	220
Ile Val Glu Thr Cys Gln Gln Gln Gln Gln Asp Ser Leu Ser Val Ala		
225	230	235
Asp Tyr Gly Trp Pro Asn Asp Val Asp Gln Ser His Leu Asp Ser Ser		
245	250	255
Asp Met Phe Asp Val Asp Glu Leu Leu Arg Asp Leu Asn Gly Asp Asp		
260	265	270

Val Phe Ala Gly Leu Asn Gln Asp Arg Tyr Pro Gly Asn Ser Val Ala
 275 280 285
 Asn Gly Ser Tyr Arg Pro Glu Ser Gln Gln Ser Gly Phe Asp Pro Leu
 290 295 300
 Gln Ser Leu Asn Tyr Gly Ile Pro Pro Phe Gln Leu Glu Gly Lys Asp
 305 310 315 320
 Gly Asn Gly Phe Phe Asp Asp Leu Ser Tyr Leu Asp Leu Glu Asn
 325 330 335

<210> 5

<211> 937

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (164)..(802)

<400> 5

cttgaaaaag aatctacctg aaaagaaaaa aaagagagag agatataaat agctttacca 60
 agacagatat actatctttt attaatccaa aaagactgag aactctagta actacgtact 120
 acttaaacct tatccagttt cttgaaacag agtactctga tca atg aac tca ttt 175
 Met Asn Ser Phe
 1
 tca gct ttt tct gaa atg ttt ggc tcc gat tac gag cct caa ggc gga 223
 Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu Pro Gln Gly Gly
 5 10 15 20
 gat tat tgt ccg acg ttg gcc acg agt tgt ccg aag aaa ccg gcg ggc 271

Asp Tyr Cys Pro Thr Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly	
25 30 35	
cgt aag aag ttt cgt gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt	319
Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg	
40 45 50	
caa aga aac tcc ggt aag tgg gtt tct gaa gtg aga gag cca aac aag	367
Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Ser Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys	
55 60 65	
aaa acc agg att tgg ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct	415
Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala	
70 75 80	
cgt gct cac gac gtc gct gca tta gcc ctc cgt ggc cga tca gca tgt	463
Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys	
85 90 95 100	
ctc aac ttc gct gac tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gag tca aca	511
Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr	
105 110 115	
tgc gcc aag gat atc caa aaa gcg gct gct gaa gcg gcg ttg gct ttt	559
Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Ala Phe	
120 125 130	
caa gat gag acg tgt gat acg acg acc acg aat cat ggc ctg gac atg	607
Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His Gly Leu Asp Met	
135 140 145	
gag gag acg atg gtg gaa gct att tat aca ccg gaa cag agc gaa ggt	655
Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Glu Gly	
150 155 160	
gcg ttt tat atg gat gag gag aca atg ttt ggg atg ccg act ttg ttg	703
Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met Pro Thr Leu Leu	
165 170 175 180	

```

gat aat atg gct gaa ggc atg ctt tta ccg ccg ccg tct gtt caa tgg      751
Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Ser Val Gln Trp
          185                      190                      195
aat cat aat tat gac ggc gaa gga gat ggt gac gtg tcg ctt tgg agt      799
Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser
          200                      205                      210
tac taatattcga tagtcgtttc catttttgta ctatagtttg aaaatattct      852
Tyr
agttcctttt tttagaatgg ttccttcatt ttattttatt ttattgttgt agaaacgagt  912
ggaaaataat tcaatacaaa aaaaaa      937

```

<210> 6

<211> 213

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 6

```

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu
  1              5              10              15
Pro Gln Gly Gly Asp Tyr Cys Pro Thr Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys
          20              25              30
Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr
          35              40              45
Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Ser Glu Val Arg
          50              55              60
Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala
          65              70              75              80
Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Leu Ala Leu Arg Gly
          85              90              95

```


Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile
100 105 110
Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Asp Ile Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala
115 120 125
Ala Leu Ala Phe Gln Asp Glu Thr Cys Asp Thr Thr Thr Thr Asn His
130 135 140
Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Met Val Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu
145 150 155 160
Gln Ser Glu Gly Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Thr Met Phe Gly Met
165 170 175
Pro Thr Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro
180 185 190
Ser Val Gln Trp Asn His Asn Tyr Asp Gly Glu Gly Asp Gly Asp Val
195 200 205
Ser Leu Trp Ser Tyr
210

<210> 7

<211> 944

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (135)..(782)

<400> 7

cctgaattag aaaagaaaga tagatagaga aataaatatt ttatcatacc atacaaaaaa 60
agacagagat cttctactta ctctactctc ataaacctta tccagtttct tgaacacagag 120

tactcttctg atca atg aac tca ttt tct gcc ttt tct gaa atg ttt ggc	170
Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly	
1 5 10	
tcc gat tac gag tct ccg gtt tcc tca ggc ggt gat tac agt ccg aag	218
Ser Asp Tyr Glu Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys	
15 20 25	
ctt gcc acg agc tgc ccc aag aaa cca gcg gga agg aag aag ttt cgt	266
Leu Ala Thr Ser Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg	
30 35 40	
gag act cgt cac cca att tac aga gga gtt cgt caa aga aac tcc ggt	314
Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly	
45 50 55 60	
aag tgg gtg tgt gag ttg aga gag cca aac aag aaa acg agg att tgg	362
Lys Trp Val Cys Glu Leu Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp	
65 70 75	
ctc ggg act ttc caa acc gct gag atg gca gct cgt gct cac gac gtc	410
Leu Gly Thr Phe Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val	
80 85 90	
gcc gcc ata gct ctc cgt ggc aga tct gcc tgt ctc aat ttc gct gac	458
Ala Ala Ile Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp	
95 100 105	
tcg gct tgg cgg cta cga atc ccg gaa tca acc tgt gcc aag gaa atc	506
Ser Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Glu Ile	
110 115 120	
caa aag gcg gcg gct gaa gcc gcg ttg aat ttt caa gat gag atg tgt	554
Gln Lys Ala Ala Ala Glu Ala Ala Leu Asn Phe Gln Asp Glu Met Cys	
125 130 135 140	
cat atg acg acg gat gct cat ggt ctt gac atg gag gag acc ttg gtg	602
His Met Thr Thr Asp Ala His Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Leu Val	

145	150	155	
gag gct att tat acg ccg gaa cag agc caa gat gcg ttt tat atg gat			650
Glu Ala Ile Tyr Thr Pro Glu Gln Ser Gln Asp Ala Phe Tyr Met Asp			
160	165	170	
gaa gag gcg atg ttg ggg atg tct agt ttg ttg gat aac atg gcc gaa			698
Glu Glu Ala Met Leu Gly Met Ser Ser Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu			
175	180	185	
ggg atg ctt tta ccg tcg ccg tcg gtt caa tgg aac tat aat ttt gat			746
Gly Met Leu Leu Pro Ser Pro Ser Val Gln Trp Asn Tyr Asn Phe Asp			
190	195	200	
gtc gag gga gat gat gac gtg tcc tta tgg agc tat taaaattcga			792
Val Glu Gly Asp Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr			
205	210	215	
tttttatttc catttttgggt attatagctt tttatacatt tgatcctttt ttagaatgga			852
tcttcttctt tttttgggtt tgagaaacga atgtaaattgg taaaagttgt tgtcaaatgc			912
aaatgttttt gagtgcagaa tatataatct tt			944

<210> 8

<211> 216

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 8

Met Asn Ser Phe Ser Ala Phe Ser Glu Met Phe Gly Ser Asp Tyr Glu											
1	5	10	15								
Ser Pro Val Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Pro Lys Leu Ala Thr Ser											
20	25	30									
Cys Pro Lys Lys Pro Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu Thr Arg His											
35	40	45									

Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys Trp Val Cys

50

55

60

Glu Leu Arg Glu Pro Asn Lys Lys Thr Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe

65

70

75

80

Gln Thr Ala Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Ala Ile Ala

85

90

95

Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg

100

105

110

Leu Arg Ile Pro Glu Ser Thr Cys Ala Lys Glu Ile Gln Lys Ala Ala

115

120

125

Ala Glu Ala Ala Leu Asn Phe Gln Asp Glu Met Cys His Met Thr Thr

130

135

140

Asp Ala His Gly Leu Asp Met Glu Glu Thr Leu Val Glu Ala Ile Tyr

145

150

155

160

Thr Pro Glu Gln Ser Gln Asp Ala Phe Tyr Met Asp Glu Glu Ala Met

165

170

175

Leu Gly Met Ser Ser Leu Leu Asp Asn Met Ala Glu Gly Met Leu Leu

180

185

190

Pro Ser Pro Ser Val Gln Trp Asn Tyr Asn Phe Asp Val Glu Gly Asp

195

200

205

Asp Asp Val Ser Leu Trp Ser Tyr

210

215

<210> 9

<211> 1513

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (183)..(1172)

<220>

<221> misc_feature

<222> (1443), (1444), (1447), (1450), (1459), (1472), (1495), (1508), (1510)

<223> n is A, C, G or T

<400> 9

```

gagacgctag aaagaacgcg aaagcttgcg aagaagattt gcttttgatc gacttaacac   60
gaacaacaaa caacatctgc gtgataaaga agagattttt gcctaaataa agaagagatt  120
cgactctaatt cctggagtta tcattcacga tagattctta gattgcgact ataaagaaga  180
ag atg gct gta tat gaa caa acc gga acc gag cag ccg aag aaa agg   227
    Met Ala Val Tyr Glu Gln Thr Gly Thr Glu Gln Pro Lys Lys Arg
      1           5           10           15
aaa tct agg gct cga gca ggt ggt tta acg gtg gct gat agg cta aag   275
Lys Ser Arg Ala Arg Ala Gly Gly Leu Thr Val Ala Asp Arg Leu Lys
           20           25           30
aag tgg aaa gag tac aac gag att gtt gaa gct tcg gct gtt aaa gaa   323
Lys Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Ile Val Glu Ala Ser Ala Val Lys Glu
           35           40           45
gga gag aaa ccg aaa cgc aaa gtt cct gcg aaa ggg tcg aag aaa ggt   371
Gly Glu Lys Pro Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly
           50           55           60
tgt atg aag ggt aaa gga gga cca gat aat tct cac tgt agt ttt aga   419
Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Asp Asn Ser His Cys Ser Phe Arg
           65           70           75
gga gtt aga caa agg att tgg ggt aaa tgg gtt gca gag att cga gaa   467

```

Gly Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu
 80 85 90 95
 ccg aaa ata gga act aga ctt tgg ctt ggt act ttt cct acc gcg gaa 515
 Pro Lys Ile Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Glu
 100 105 110
 aaa gct gct tcc gct tat gat gaa gcg gct acc gct atg tac ggt tca 563
 Lys Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Thr Ala Met Tyr Gly Ser
 115 120 125
 ttg gct cgt ctt aac ttc cct cag tct gtt ggg tct gag ttt act agt 611
 Leu Ala Arg Leu Asn Phe Pro Gln Ser Val Gly Ser Glu Phe Thr Ser
 130 135 140
 acg tct agt caa tct gag gtg tgt acg gtt gaa aat aag gcg gtt gtt 659
 Thr Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Asn Lys Ala Val Val
 145 150 155
 tgt ggt gat gtt tgt gtg aag cat gaa gat act gat tgt gaa tct aat 707
 Cys Gly Asp Val Cys Val Lys His Glu Asp Thr Asp Cys Glu Ser Asn
 160 165 170 175
 cca ttt agt cag att tta gat gtt aga gaa gag tct tgt gga acc agg 755
 Pro Phe Ser Gln Ile Leu Asp Val Arg Glu Glu Ser Cys Gly Thr Arg
 180 185 190
 ccg gac agt tgc acg gtt gga cat caa gat atg aat tct tcg ctg aat 803
 Pro Asp Ser Cys Thr Val Gly His Gln Asp Met Asn Ser Ser Leu Asn
 195 200 205
 tac gat ttg ctg tta gag ttt gag cag cag tat tgg ggc caa gtt ttg 851
 Tyr Asp Leu Leu Leu Glu Phe Glu Gln Gln Tyr Trp Gly Gln Val Leu
 210 215 220
 cag gag aaa gag aaa ccg aag cag gaa gaa gag gag ata cag caa cag 899
 Gln Glu Lys Glu Lys Pro Lys Gln Glu Glu Glu Glu Ile Gln Gln Gln
 225 230 235

caa cag gaa cag caa cag caa cag ctg caa ccg gat ttg ctt act gtt 947
 Gln Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Pro Asp Leu Leu Thr Val
 240 245 250 255
 gca gat tac ggt tgg cct tgg tct aat gat att gta aat gat cag act 995
 Ala Asp Tyr Gly Trp Pro Trp Ser Asn Asp Ile Val Asn Asp Gln Thr
 260 265 270
 tct tgg gat cct aat gag tgc ttt gat att aat gaa ctc ctt gga gat 1043
 Ser Trp Asp Pro Asn Glu Cys Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Asp
 275 280 285
 ttg aat gaa cct ggt ccc cat cag agc caa gac caa aac cac gta aat 1091
 Leu Asn Glu Pro Gly Pro His Gln Ser Gln Asp Gln Asn His Val Asn
 290 295 300
 tct ggt agt tat gat ttg cat ccg ctt cat ctc gag cca cac gat ggt 1139
 Ser Gly Ser Tyr Asp Leu His Pro Leu His Leu Glu Pro His Asp Gly
 305 310 315
 cac gag ttc aat ggt ttg agt tct ctg gat att tgagagttct gaggcaatgg 1192
 His Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ser Leu Asp Ile
 320 325 330
 tcctacaaga ctacaacata atctttggat tgatcatagg agaaacaaga aataggtggt 1252
 aatgatctga ttcacaatga aaaaatattt aataactcta tagtttttgt tctttccttg 1312
 gatcatgaac tggtgcttct catctattga gttaatatag cgaatagcag agttttctctc 1372
 tttcttctct ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaayh sakmabgcar 1432
 srcsdvsnaa nntnatnar sarchentrr agrctrascn csrcaash tskbabarak 1492
 aantamaysa kmasrngnga c 1513

<210> 10

<211> 330

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

Met Ala Val Tyr Glu Gln Thr Gly Thr Glu Gln Pro Lys Lys Arg Lys
 1 5 10 15
 Ser Arg Ala Arg Ala Gly Gly Leu Thr Val Ala Asp Arg Leu Lys Lys
 20 25 30
 Trp Lys Glu Tyr Asn Glu Ile Val Glu Ala Ser Ala Val Lys Glu Gly
 35 40 45
 Glu Lys Pro Lys Arg Lys Val Pro Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys
 50 55 60
 Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Asp Asn Ser His Cys Ser Phe Arg Gly
 65 70 75 80
 Val Arg Gln Arg Ile Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro
 85 90 95
 Lys Ile Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Pro Thr Ala Glu Lys
 100 105 110
 Ala Ala Ser Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Thr Ala Met Tyr Gly Ser Leu
 115 120 125
 Ala Arg Leu Asn Phe Pro Gln Ser Val Gly Ser Glu Phe Thr Ser Thr
 130 135 140
 Ser Ser Gln Ser Glu Val Cys Thr Val Glu Asn Lys Ala Val Val Cys
 145 150 155 160
 Gly Asp Val Cys Val Lys His Glu Asp Thr Asp Cys Glu Ser Asn Pro
 165 170 175
 Phe Ser Gln Ile Leu Asp Val Arg Glu Glu Ser Cys Gly Thr Arg Pro
 180 185 190
 Asp Ser Cys Thr Val Gly His Gln Asp Met Asn Ser Ser Leu Asn Tyr
 195 200 205
 Asp Leu Leu Leu Glu Phe Glu Gln Gln Tyr Trp Gly Gln Val Leu Gln

210	215	220
Glu Lys Glu Lys Pro Lys Gln Glu Glu Glu Glu Ile Gln Gln Gln Gln		
225	230	235
Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Pro Asp Leu Leu Thr Val Ala		240
	245	250
Asp Tyr Gly Trp Pro Trp Ser Asn Asp Ile Val Asn Asp Gln Thr Ser		255
	260	265
Trp Asp Pro Asn Glu Cys Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Asp Leu		270
	275	280
Asn Glu Pro Gly Pro His Gln Ser Gln Asp Gln Asn His Val Asn Ser		285
	290	295
Gly Ser Tyr Asp Leu His Pro Leu His Leu Glu Pro His Asp Gly His		300
	305	310
Glu Phe Asn Gly Leu Ser Ser Leu Asp Ile		315
	325	330

<210> 11

<211> 675

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 11

atgaatccat ttactctac attcccagac tcgtttctct caatctccga tcatagatct 60
 ccggtttcag acagtagtga gtgttcacca aagttagctt caagttgtcc aaagaaacga 120
 gctgggagga agaagtttcg tgagacacgt catccgattt acagaggagt tcgtcagagg 180
 aattctggta aatgggtttg tgaagttaga gagcctaata agaaatctag gatttggtta 240
 ggtacttttc cgacggttga aatggctgct cgtgctcatg atgttgctgc tttagctctt 300
 cgtggctgct ctgcttgtct caatttcgct gattctgctt ggcggcttcg tttcctgag 360
 actacttgct ctaaggagat tcagaaagct gcgtctgaag ctgcaatggc gtttcagaat 420

gagactacga cggagggatc taaaactgcg gcggaggcag aggaggcggc aggggagggg 480
 gtgagggagg gggagaggag ggcggaggag cagaatggtg gtgtgtttta tatggatgat 540
 gaggcgcttt tggggatgcc caactttttt gagaatatgg cggaggggat gcttttgccg 600
 ccgccggaag ttggctggaa tcataacgac tttgacggag tgggtgacgt gtcactctgg 660
 agttttgacg agtaa 675

<210> 12

<211> 224

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 12

Met Asn Pro Phe Tyr Ser Thr Phe Pro Asp Ser Phe Leu Ser Ile Ser

1 5 10 15

Asp His Arg Ser Pro Val Ser Asp Ser Ser Glu Cys Ser Pro Lys Leu

20 25 30

Ala Ser Ser Cys Pro Lys Lys Arg Ala Gly Arg Lys Lys Phe Arg Glu

35 40 45

Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Asn Ser Gly Lys

50 55 60

Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro Asn Lys Lys Ser Arg Ile Trp Leu

65 70 75 80

Gly Thr Phe Pro Thr Val Glu Met Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala

85	90	95	
Ala Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser			
100	105	110	
Ala Trp Arg Leu Arg Ile Pro Glu Thr Thr Cys Pro Lys Glu Ile Gln			
115	120	125	
Lys Ala Ala Ser Glu Ala Ala Met Ala Phe Gln Asn Glu Thr Thr Thr			
130	135	140	
Glu Gly Ser Lys Thr Ala Ala Glu Ala Glu Glu Ala Ala Gly Glu Gly			
145	150	155	160
Val Arg Glu Gly Glu Arg Arg Ala Glu Glu Gln Asn Gly Gly Val Phe			
165	170	175	
Tyr Met Asp Asp Glu Ala Leu Leu Gly Met Pro Asn Phe Phe Glu Asn			
180	185	190	
Met Ala Glu Gly Met Leu Leu Pro Pro Pro Glu Val Gly Trp Asn His			
195	200	205	
Asn Asp Phe Asp Gly Val Gly Asp Val Ser Leu Trp Ser Phe Asp Glu			
210	215	220	

<210> 13

<211> 546

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 13

```

atggaaaacg acgatatcac cgtggcggag atgaagccaa agaagcgtgc tggacggagg 60
attttcaagg agacacgtca cccaatctac agaggcgtgc ggcgtaggga cggcgacaaa 120
tgggtatgcg aagtccgtga accgattcat cagcgtcgag tctggctcgg aacttatccg 180
acggcagata tggccgcacg tgctcacgac gtggcggttc ttgctctgcg cgggagatcc 240
gcgtgtttga atttctccga ttctgcttgg aggttgccgg tgccggcatc cactgatccg 300
gacacgatca ggcgcacggc ggccgaagca gcggagatgt tcaggccgcc ggagtttagt 360
acaggaatta cggttttacc ctcagccagt gagtttgaca cgtcggatga aggagtcgct 420
ggaatgatga tgaggctcgc ggaggagccg ttgatgtcgc cgccaagatc gtacattgat 480
atgaatacga gtgtgtacgt ggacgaagaa atgtgttacg aagatttgtc actttggagt 540
tactaa                                         546

```

<210> 14

<211> 181

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 14

Met Glu Asn Asp Asp Ile Thr Val Ala Glu Met Lys Pro Lys Lys Arg

1

5

10

15

Ala Gly Arg Arg Ile Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Ile Tyr Arg Gly

20

25

30

Val Arg Arg Arg Asp Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro

35

40

45

Ile His Gln Arg Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met

50

55

60

Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser

65

70

75

80

Ala Cys Leu Asn Phe Ser Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Ala

85

90

95

Ser Thr Asp Pro Asp Thr Ile Arg Arg Thr Ala Ala Glu Ala Ala Glu

100

105

110

Met Phe Arg Pro Pro Glu Phe Ser Thr Gly Ile Thr Val Leu Pro Ser

115

120

125

Ala Ser Glu Phe Asp Thr Ser Asp Glu Gly Val Ala Gly Met Met Met

130

135

140

Arg Leu Ala Glu Glu Pro Leu Met Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Ile Asp

145

150

155

160

Met Asn Thr Ser Val Tyr Val Asp Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Leu

165

170

175

Ser Leu Trp Ser Tyr

180

<210> 15

<211> 630

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 15

```

atgaataatg atgatattat tctggcggag atgaggccta agaagcgtgc gggaaggaga 60
gtgtttaagg agacacgtca cccagtttac agaggcataa ggcggaggaa cggtgacaaa 120
tgggtctgcg aagtcagaga accgacgcac caacgccgca tttggctcgg gacttatccc 180
acagcagata tggcagcgcg tgcacacgac gtggcggttt tagctctgcg tgggagatcc 240
gcatgtttga atttcgccga ctccgcttgg cggcttccgg tgccggaatc caatgatccg 300
gatgtgataa gaagagttgc ggcggaagct gcggagatgt ttaggccggt ggatttagaa 360
agtggaatta cggttttgcc ttgtgcggga gatgatgtgg atttgggttt tggttcgggt 420
tccggctctg gttcgggatc ggaggagagg aattcttctt cgtatggatt tggagactac 480
gaagaagtct caacgacgat gatgagactc gcggaggggc cactaatgtc gccgccgcga 540
tcgtatatgg aagacatgac tcctactaat gtttacacgg aagaagagat gtgttatgaa 600
gatatgtcat tgtggagtta cagatattaa 630

```

<210> 16

<211> 209

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 16

Met Asn Asn Asp Asp Ile Ile Leu Ala Glu Met Arg Pro Lys Lys Arg

1

5

10

15

Ala Gly Arg Arg Val Phe Lys Glu Thr Arg His Pro Val Tyr Arg Gly
20 25 30

Ile Arg Arg Arg Asn Gly Asp Lys Trp Val Cys Glu Val Arg Glu Pro
35 40 45

Thr His Gln Arg Arg Ile Trp Leu Gly Thr Tyr Pro Thr Ala Asp Met
50 55 60

Ala Ala Arg Ala His Asp Val Ala Val Leu Ala Leu Arg Gly Arg Ser
65 70 75 80

Ala Cys Leu Asn Phe Ala Asp Ser Ala Trp Arg Leu Pro Val Pro Glu
85 90 95

Ser Asn Asp Pro Asp Val Ile Arg Arg Val Ala Ala Glu Ala Ala Glu
100 105 110

Met Phe Arg Pro Val Asp Leu Glu Ser Gly Ile Thr Val Leu Pro Cys
115 120 125

Ala Gly Asp Asp Val Asp Leu Gly Phe Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Glu Arg Asn Ser Ser Ser Tyr Gly Phe Gly Asp Tyr
145 150 155 160

Glu Glu Val Ser Thr Thr Met Met Arg Leu Ala Glu Gly Pro Leu Met
165 170 175

Ser Pro Pro Arg Ser Tyr Met Glu Asp Met Thr Pro Thr Asn Val Tyr

180

185

190

Thr Glu Glu Glu Met Cys Tyr Glu Asp Met Ser Leu Trp Ser Tyr Arg

195

200

205

Tyr

<210> 17

<211> 1026

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 17

atgccgtcgg agattgttga caggaaaagg aagtctcgtg gaacacgaga ttagctgag 60
attctaaggc aatggagaga gtacaatgag cagattgagg cagaatcttg tatcgatgg 120
gggtgtccaa aatcaatccg aaagcctcct ccaaaagggt cgaggaaggg ttgtatgaaa 180
ggtaaagggt gacctgaaaa cgggatttgt gactatagag gagttagaca gaggagatgg 240
ggtaaattggg ttgctgagat ccgtgagcca gacggagggt ctaggttgtg gctcgggtact 300
ttctccagtt catatgaagc tgcattggct tatgacgagg cggccaaagc tatatatgg 360
cagtctgcca gactcaatct tcccgagatc acaaatcgct cttcttcgac tgctgccact 420
gccactgtgt caggctcggg tactgcattt tctgatgaat ctgaagtttg tgcacgtgag 480
gatacaaatg caagttcagg ttttggtcag gtgaaactag aggattgtag cgatgaatat 540
gttctcttag atagttctca gtgtattaaa gaggagctga aaggaaaaga ggaagtgagg 600
gaagaacata acttggctgt tggttttgga attggacagg actcgaaaag ggagactttg 660
gatgcttggg tgatgggaaa tggcaatgaa caagaacat tggagtttgg tgtggatgaa 720

acgtttgata ttaatgagct attgggtata ttaaacgaca acaatgtgtc tggtaagag 780
 acaatgcagt atcaagtgga tagacacca aatttcagtt accaaacgca gtttccaaat 840
 tctaacttgc tcgggagcct caaccctatg gagattgctc aaccaggagt tgattatgga 900
 tgtccttatg tgcagcccag tgatatggag aactatggta ttgatttaga ccatcgcagg 960
 ttcaatgatac ttgacataca ggacttggat ttggaggag acaaagatgt tcatggatct 1020
 acataa 1026

<210> 18

<211> 341

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 18

Met Pro Ser Glu Ile Val Asp Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg

1 5 10 15

Asp Val Ala Glu Ile Leu Arg Gln Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Ile

20 25 30

Glu Ala Glu Ser Cys Ile Asp Gly Gly Gly Pro Lys Ser Ile Arg Lys

35 40 45

Pro Pro Pro Lys Gly Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly

50 55 60

Pro Glu Asn Gly Ile Cys Asp Tyr Arg Gly Val Arg Gln Arg Arg Trp

65 70 75 80

Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asp Gly Gly Ala Arg Leu
85 90 95

Trp Leu Gly Thr Phe Ser Ser Ser Tyr Glu Ala Ala Leu Ala Tyr Asp
100 105 110

Glu Ala Ala Lys Ala Ile Tyr Gly Gln Ser Ala Arg Leu Asn Leu Pro
115 120 125

Glu Ile Thr Asn Arg Ser Ser Ser Thr Ala Ala Thr Ala Thr Val Ser
130 135 140

Gly Ser Val Thr Ala Phe Ser Asp Glu Ser Glu Val Cys Ala Arg Glu
145 150 155 160

Asp Thr Asn Ala Ser Ser Gly Phe Gly Gln Val Lys Leu Glu Asp Cys
165 170 175

Ser Asp Glu Tyr Val Leu Leu Asp Ser Ser Gln Cys Ile Lys Glu Glu
180 185 190

Leu Lys Gly Lys Glu Glu Val Arg Glu Glu His Asn Leu Ala Val Gly
195 200 205

Phe Gly Ile Gly Gln Asp Ser Lys Arg Glu Thr Leu Asp Ala Trp Leu
210 215 220

Met Gly Asn Gly Asn Glu Gln Glu Pro Leu Glu Phe Gly Val Asp Glu
225 230 235 240

Thr Phe Asp Ile Asn Glu Leu Leu Gly Ile Leu Asn Asp Asn Asn Val
245 250 255

Ser Gly Gln Glu Thr Met Gln Tyr Gln Val Asp Arg His Pro Asn Phe
260 265 270

Ser Tyr Gln Thr Gln Phe Pro Asn Ser Asn Leu Leu Gly Ser Leu Asn
275 280 285

Pro Met Glu Ile Ala Gln Pro Gly Val Asp Tyr Gly Cys Pro Tyr Val
290 295 300

Gln Pro Ser Asp Met Glu Asn Tyr Gly Ile Asp Leu Asp His Arg Arg
305 310 315 320

Phe Asn Asp Leu Asp Ile Gln Asp Leu Asp Phe Gly Gly Asp Lys Asp
325 330 335

Val His Gly Ser Thr
340

<210> 19

<211> 621

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 19

atgtcatcca tagagccaaa agtaatgatg gttgggtgcta ataagaaaca acgaaccgtc 60
 caagctagtt cgaggaaagg ttgtatgaga ggaaaagggtg gacccgataa cgcgtcttgc 120
 acttaciaag gtgttagaca acgcacttgg ggcaaatggg tcgctgagat ccgcgagcct 180
 aaccgaggag ctctgtctttg gctcggtacc ttcgacacct cccgtgaagc tgccttggct 240
 tatgactccg cagctcgtaa gctctatggg cctgaggctc atctcaacct ccctgagtcc 300
 ttaagaagtt accctaaaac ggcgtcgtct ccggcgtccc agactacacc aagcagcaac 360
 accggtggaa aaagcagcag cgactctgag tcgccgtgtt catccaacga gatgtcatca 420
 tgtggaagag tgacagagga gatcatatgg gagcatataa acgtggattt gccggtaatg 480
 gatgattctt caatatggga agaagctaca atgtcgtag gatttccatg ggttcatgaa 540
 ggagataatg atatttctcg gtttgatact tgtatttccg gtggctattc taattgggat 600
 tcctttcatt cccactttg a 621

<210> 20

<211> 206

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 20

Met Ser Ser Ile Glu Pro Lys Val Met Met Val Gly Ala Asn Lys Lys

1

5

10

15

Gln Arg Thr Val Gln Ala Ser Ser Arg Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys

20

25

30

Gly Gly Pro Asp Asn Ala Ser Cys Thr Tyr Lys Gly Val Arg Gln Arg

35

40

45

Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Asn Arg Gly Ala

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

<210> 21

<211> 975

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 21

atggaaaagg aagataacgg atcgaaacag agctcctctg cttctgttgt atcctcgaga 60
agacgaagaa gagtgggtga gccagtggaa ggcacgttac agagatggga ggaagaagga 120
ttggcgagag ctctagagggt tcaagccaaa gggtcgaaga aaggttgtat gagaggaaaa 180
ggtggaccag agaatcctgt ttgtcggttt agagggtgtc gacaaagggt ttgggggaaa 240
tgggttgctg agatacgtga accagtgagt caccgtgggt caaactctag tcgtagtaaa 300
cggctttggc ttggcacgtt tgctactgca gctgaagctg ctttggctta cgacagagct 360
gctagtgtca tgtacggacc ctatgccagg ttaaatttcc cggaagattt ggggtggggga 420
aggaagaagg acgaggaggc ggaaagttcg ggaggctatt ggttggaac taacaaagcc 480
ggtaatggcg tgattgaaac ggaagggtgga aaagactatg tagtctacaa tgaagacgct 540
attgagcttg gccatgacaa gactcagaat cctgacatgt ttgatgtcga tgagcttcta 600
cgtgacctaa atggcgacga tgtgttttgca ggcatgactg ataatgaaat agtgaaccca 660
gcagttaaat caggaccggt acccggggaa cagtgttgcc aacggttcat acaggcccga 720
gagttgaaat cagaggaagg ttacagctat gatcgattca aattggcaac aaagtggttt 780
tgatccgcta caaagcctca actacggaat acctccgttt cagctcataa cggattgttg 840
tataatgaac ctcaaagctc cagttatcac gagggaaagg atggtaatgg attcttcgac 900
gacttgagtt acttgatct ggagaactaa cagggagggt gattcgattc atattttgag 960
tatttcagat tctag 975

<210> 22

<211> 244

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 22

Met Glu Lys Glu Asp Asn Gly Ser Lys Gln Ser Ser Ser Ala Ser Val

1 5 10 15

Val Ser Ser Arg Arg Arg Arg Arg Val Val Glu Pro Val Glu Ala Thr

20 25 30

Leu Gln Arg Trp Glu Glu Glu Gly Leu Ala Arg Ala Arg Arg Val Gln

35 40 45

Ala Lys Gly Ser Lys Lys Gly Cys Met Arg Gly Lys Gly Gly Pro Glu

50 55 60

Asn Pro Val Cys Arg Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Val Trp Gly Lys

65 70 75 80

Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Val Ser His Arg Gly Ala Asn Ser

85 90 95

Ser Arg Ser Lys Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Ala Thr Ala Ala Glu

100 105 110

Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Arg Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Pro Tyr

115 120 125

Ala Arg Leu Asn Phe Pro Glu Asp Leu Gly Gly Gly Arg Lys Lys Asp

130 135 140

Glu Glu Ala Glu Ser Ser Gly Gly Tyr Trp Leu Glu Thr Asn Lys Ala
145 150 155 160

Gly Asn Gly Val Ile Glu Thr Glu Gly Gly Lys Asp Tyr Val Val Tyr
165 170 175

Asn Glu Asp Ala Ile Glu Leu Gly His Asp Lys Thr Gln Asn Pro Met
180 185 190

Thr Asp Asn Glu Ile Val Asn Pro Ala Val Lys Ser Glu Glu Gly Tyr
195 200 205

Ser Tyr Asp Arg Phe Lys Leu Asp Asn Gly Leu Leu Tyr Asn Glu Pro
210 215 220

Gln Ser Ser Ser Tyr His Gln Gly Gly Gly Phe Asp Ser Tyr Phe Glu
225 230 235 240

Tyr Phe Arg Phe

<210> 23

<211> 834

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 23

atggagaaat catcctcaat gaaacaatgg aagaagggtc ctgctcgggg taaaggcgtt 60
 ccacaaaacg ctctttgtca gtaccgtgga gtcaggcaaa ggacttgggg caaatgggtg 120
 gctgagatca gagagcccaa gaagagggca agactttggc ttggctcttt cgctacagct 180
 gaagaagcag ctatggctta tgatgaggct gccttgaaac tctatgggca cgacgcatac 240
 ctcaacttac ctcatcttca gcggaatata agaccttctc tgagtaactc tcagagggtc 300
 aaatgggtac cttcaaggaa gtttatactt atgtttcctt catgtggtat gctaaacgtg 360
 aatgctcagc ctagtggtca cataatccag caaagactag aagaactcaa gaaaactgga 420
 cttttatctc aatcctattc ttctagtctt tcctccaccg aatcaaaaac taatactagc 480
 tttcttgatg agaagaccag caagggagaa acagacaata tggtcgaagg tggtgatcag 540
 aagaaaccag agatcgacct gaccgagttt cttcagcaac taggaatctt gaaggatgaa 600
 aatgaagcag aaccaagtga ggtagcagag tgtcattccc ctccaccatg gaacgagcaa 660
 gaagaaactg gaagtccttt cagaactgag aatttcagct gggataccct gatcgagatg 720
 ccaagaagtg aaaccacaac tatgcaattt gactccagca acttcggaag ctatgatttt 780
 gaggatgatg tatccttccc ttccatctgg gactactacg gaagcttaga ttga 834

<210> 24

<211> 277

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 24

Met Glu Lys Ser Ser Ser Met Lys Gln Trp Lys Lys Gly Pro Ala Arg

1

5

10

15

Gly Lys Gly Gly Pro Gln Asn Ala Leu Cys Gln Tyr Arg Gly Val Arg

20

25

30

Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile Arg Glu Pro Lys Lys

35

40

45

Arg Ala Arg Leu Trp Leu Gly Ser Phe Ala Thr Ala Glu Glu Ala Ala

50

55

60

Met Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Leu Lys Leu Tyr Gly His Asp Ala Tyr

65

70

75

80

Leu Asn Leu Pro His Leu Gln Arg Asn Thr Arg Pro Ser Leu Ser Asn

85

90

95

Ser Gln Arg Phe Lys Trp Val Pro Ser Arg Lys Phe Ile Ser Met Phe

100

105

110

Pro Ser Cys Gly Met Leu Asn Val Asn Ala Gln Pro Ser Val His Ile

115

120

125

Ile Gln Gln Arg Leu Glu Glu Leu Lys Lys Thr Gly Leu Leu Ser Gln

130

135

140

Ser Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Glu Ser Lys Thr Asn Thr Ser

145

150

155

160

Phe Leu Asp Glu Lys Thr Ser Lys Gly Glu Thr Asp Asn Met Phe Glu

165

170

175

Gly Gly Asp Gln Lys Lys Pro Glu Ile Asp Leu Thr Glu Phe Leu Gln

180

185

190

Gln Leu Gly Ile Leu Lys Asp Glu Asn Glu Ala Glu Pro Ser Glu Val
 195 200 205

Ala Glu Cys His Ser Pro Pro Pro Trp Asn Glu Gln Glu Glu Thr Gly
 210 215 220

Ser Pro Phe Arg Thr Glu Asn Phe Ser Trp Asp Thr Leu Ile Glu Met
 225 230 235 240

Pro Arg Ser Glu Thr Thr Thr Met Gln Phe Asp Ser Ser Asn Phe Gly
 245 250 255

Ser Tyr Asp Phe Glu Asp Asp Val Ser Phe Pro Ser Ile Trp Asp Tyr
 260 265 270

Tyr Gly Ser Leu Asp
 275

<210> 25

<211> 924

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 25

atggaagaag agcaacctcc ggccaagaaa cgaaacatgg ggagatctag aaaaggttgc 60
 atgaaaggta aaggcgttcc agagaacgcc acgtgtactt tccgtggagt taggcaacgg 120
 acttggggta aatgggtggc tgagatccgt gagcctaacc gtgggactcg tctctggctc 180
 ggcacgttta atacctcggt cgaggccgcc atggcttacg atgaagccgc taagaaactc 240

tatggacacg aggctaaact caacttgggtg caccacacaac aacaacaaca agtagtagtg 300
 aacagaaaact tgtctttttc tggccacggg tcgggttctt gggcttataa taagaagctc 360
 gatatggttc atgggttggg ccttgggtctc ggccaggcaa gttgttcacg aggttcttgc 420
 tcagagagat cgagttttct acaagaagat gatgatcata gtcataatcg atgttcgtct 480
 tcaagtgggtt cgaatctttg ttgggttatta cctaaacaaa gtgattcaca agatcaagag 540
 accgttaatg ctacgactag ttatggcggg gaaggcgggtg gtggctctac gttaacgttt 600
 tcgaccaatt tgaaaccaa gaatttgatg agtcagaatt atggattata caatggagct 660
 tgggtctaggt ttcttgtggg gcaagaaaag aagacggaac atgacgtgtc atcgctgtgt 720
 ggatcgtcgg acaacaagga gagtatgttg gttcctagtt gcggcggaga gaggatgcat 780
 aggccggagt tggaagagcg aacaggatat ttggaaatgg atgatctttt ggagattgat 840
 gatttaggtt tgttgattgg caaaaatgga gatttcaaga attggtgttg tgaagagttt 900
 caacatccat ggaattgggtt ctga 924

<210> 26

<211> 306

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 26

Glu Glu Glu Gln Pro Pro Ala Lys Lys Arg Asn Met Gly Arg Ser Arg

1

5

10

15

Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Ala Thr Cys Thr

20

25

30

Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala Glu Ile

35

40

45

Arg Glu Pro Asn Arg Gly Thr Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Asn Thr
50 55 60

Ser Val Glu Ala Ala Met Ala Tyr Asp Glu Ala Ala Lys Lys Leu Tyr
65 70 75 80

Gly His Glu Ala Lys Leu Asn Leu Val His Pro Gln Gln Gln Gln Gln
85 90 95

Val Val Val Asn Arg Asn Leu Ser Phe Ser Gly His Gly Ser Gly Ser
100 105 110

Trp Ala Tyr Asn Lys Lys Leu Asp Met Val His Gly Leu Asp Leu Gly
115 120 125

Leu Gly Gln Ala Ser Cys Ser Arg Gly Ser Cys Ser Glu Arg Ser Ser
130 135 140

Phe Leu Gln Glu Asp Asp Asp His Ser His Asn Arg Cys Ser Ser Ser
145 150 155 160

Ser Gly Ser Asn Leu Cys Trp Leu Leu Pro Lys Gln Ser Asp Ser Gln
165 170 175

Asp Gln Glu Thr Val Asn Ala Thr Thr Ser Tyr Gly Gly Glu Gly Gly
180 185 190

Gly Gly Ser Thr Leu Thr Phe Ser Thr Asn Leu Lys Pro Lys Asn Leu
195 200 205

Met Ser Gln Asn Tyr Gly Leu Tyr Asn Gly Ala Trp Ser Arg Phe Leu
210 215 220

Val Gly Gln Glu Lys Lys Thr Glu His Asp Val Ser Ser Ser Cys Gly
225 230 235 240

Ser Ser Asp Asn Lys Glu Ser Met Leu Val Pro Ser Cys Gly Gly Glu
245 250 255

Arg Met His Arg Pro Glu Leu Glu Glu Arg Thr Gly Tyr Leu Glu Met
260 265 270

Asp Asp Leu Leu Glu Ile Asp Asp Leu Gly Leu Leu Ile Gly Lys Asn
275 280 285

Gly Asp Phe Lys Asn Trp Cys Cys Glu Glu Phe Gln His Pro Trp Asn
290 295 300

Trp Phe
305

<210> 27

<211> 534

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 27

atgcccagga aacggaagtc tcgtggaaca cgagatgtag ctgagattct aaggaaatgg 60
 agagagtaca atgagcagac cgaggcagat tcttgcacgc atggtggtgg ttcaaaacca 120
 atccgaaagg ctctccaaa acgttcgagg aagggttgta tgaaaggtaa aggtggacct 180
 gaaaatggga tttgtgacta tacaggagtt agacagagga catggggtaa atgggttgct 240
 gagatccgtg agccaggccg aggtgctaag ttatggctcg gtactttctc tagttcatat 300
 gaagctgcat tggcttatga tgaggcttcc aaagctatit acggtcagtc tgcccgactc 360
 aatcttcac tgctgccact gtgtcaggct cggttactgc attttctgat gaatctgaag 420
 tttgtgcacg tgaggataca aatgcaagat ctggttttgg tcagatctct aacttctcgc 480
 atttccaaaa tgtaagtcc aataactgca ttggttaagt tggggcgta ctag 534

<210> 28

<211> 177

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 28

Met Pro Arg Lys Arg Lys Ser Arg Gly Thr Arg Asp Val Ala Glu Ile

1

5

10

15

Leu Arg Lys Trp Arg Glu Tyr Asn Glu Gln Thr Glu Ala Asp Ser Cys

20

25

30

Ile Asp Gly Gly Gly Ser Lys Pro Ile Arg Lys Ala Pro Pro Lys Arg

35

40

45

Ser Arg Lys Gly Cys Met Lys Gly Lys Gly Gly Pro Glu Asn Gly Ile

50

55

60

Cys Asp Tyr Thr Gly Val Arg Gln Arg Thr Trp Gly Lys Trp Val Ala
65 70 75 80

Glu Ile Arg Glu Pro Gly Arg Gly Ala Lys Leu Trp Leu Gly Thr Phe
85 90 95

Ser Ser Ser Tyr Glu Ala Ala Leu Ala Tyr Asp Glu Ala Ser Lys Ala
100 105 110

Ile Tyr Gly Gln Ser Ala Arg Leu Asn Leu Pro Leu Leu Pro Leu Cys
115 120 125

Gln Ala Arg Leu Leu His Phe Leu Met Asn Leu Lys Phe Val His Val
130 135 140

Arg Ile Gln Met Gln Asp Leu Val Leu Val Arg Ser Leu Thr Ser Arg
145 150 155 160

Ile Ser Lys Met Leu Ser Pro Ile Thr Ala Leu Val Lys Leu Gly Arg
165 170 175

Tyr

<210> 29

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 29

gagtcttcgg tttcctca

18

<210> 30

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Primer

<400> 30

cgatacgtcg tcatcatc

18

【配列表フリーテキスト】

配列番号 2 9 : プライマー

配列番号 3 0 : プライマー

【図面の簡単な説明】

【図 1】 ベクター rd29A-DREB1A の RB から LB 間の構造を示す図である。

【図 2 - 1】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である。

【図 2 - 2】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である（図 2 - 1 の続き）。

【図 2 - 3】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性 % を示す図である（図 2

- 2 の続き)。

【図 2 - 4】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 3 の続き)。

【図 2 - 5】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 4 の続き)。

【図 2 - 6】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 5 の続き)。

【図 2 - 7】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 6 の続き)。

【図 2 - 8】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 7 の続き)。

【図 2 - 9】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 8 の続き)。

【図 2 - 1 0】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 9 の続き)。

【図 2 - 1 1】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 1 0 の続き)。

【図 2 - 1 2】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である (図 2 - 1 1 の続き)。

【図 2 - 1 3】 DREB1Aを基軸とした、DREB1BからDREB1Fとの 1 対 1 での塩

基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-12 の続き）。

【図 2-14】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-13 の続き）。

【図 2-15】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-14 の続き）。

【図 2-16】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 2-15 の続き）。

【図 3-1】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 3-2】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-1 の続き）。

【図 3-3】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-2 の続き）。

【図 3-4】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-3 の続き）。

【図 3-5】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-4 の続き）。

【図 3-6】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-5 の続き）。

【図 3-7】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミ

ノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-6 の続き）。

【図 3-8】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-7 の続き）。

【図 3-9】 DREB1A を基軸とした、DREB1B から DREB1F との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 3-8 の続き）。

【図 4-1】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 4-2】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-1 の続き）。

【図 4-3】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-2 の続き）。

【図 4-4】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-3 の続き）。

【図 4-5】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-4 の続き）。

【図 4-6】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-5 の続き）。

【図 4-7】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-6 の続き）。

【図 4-8】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基

配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-7 の続き）。

【図 4-9】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-8 の続き）。

【図 4-10】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-9 の続き）。

【図 4-11】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-10 の続き）。

【図 4-12】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-11 の続き）。

【図 4-13】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-12 の続き）。

【図 4-14】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-13 の続き）。

【図 4-15】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-14 の続き）。

【図 4-16】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-15 の続き）。

【図 4-17】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-16 の続き）。

【図 4-18】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-17の続き）。

【図 4-19】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-18の続き）。

【図 4-20】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-19の続き）。

【図 4-21】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-20の続き）。

【図 4-22】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-21の続き）。

【図 4-23】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-22の続き）。

【図 4-24】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-23の続き）。

【図 4-25】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-24の続き）。

【図 4-26】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-25の続き）。

【図 4-27】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図

4-26の続き)。

【図4-28】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-27の続き)。

【図4-29】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-28の続き)。

【図4-30】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-29の続き)。

【図4-31】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-30の続き)。

【図4-32】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-31の続き)。

【図4-33】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-32の続き)。

【図4-34】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-33の続き)。

【図4-35】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-34の続き)。

【図4-36】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である(図4-35の続き)。

【図4-37】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1での塩

基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-36 の続き）。

【図 4-38】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-37 の続き）。

【図 4-39】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-38 の続き）。

【図 4-40】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 での塩基配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 4-39 の続き）。

【図 5-1】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である。

【図 5-2】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-1 の続き）。

【図 5-3】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-2 の続き）。

【図 5-4】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-3 の続き）。

【図 5-5】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-4 の続き）。

【図 5-6】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-5 の続き）。

【図 5-7】 DREB2A を基軸とした、DREB2B から DREB2H との 1 対 1 でのアミ

ノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-6 の続き）。

【図 5-8】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-7 の続き）。

【図 5-9】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-8 の続き）。

【図 5-10】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-9 の続き）。

【図 5-11】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-10 の続き）。

【図 5-12】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-11 の続き）。

【図 5-13】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-12 の続き）。

【図 5-14】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-13 の続き）。

【図 5-15】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-14 の続き）。

【図 5-16】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの 1 対 1 でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-15 の続き）。

【図 5-17】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-16 の続き）。

【図 5-18】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-17 の続き）。

【図 5-19】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-18 の続き）。

【図 5-20】 DREB2Aを基軸とした、DREB2BからDREB2Hとの1対1でのアミノ酸配列レベルでのアラインメント、共通配列および相同性%を示す図である（図 5-19 の続き）。

【図 6】 DREB1Aを基軸としたDREB1BからDREB1Fとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図 7-1】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第518位まで）。

【図 7-2】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとの塩基配列レベルでのアラインメントを示す図である（DREB2Aの第519位から）。

【図 8】 DREB1Aを基軸とした場合のDREB1BからDREB1Fとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

【図 9】 DREB2Aを基軸とした場合のDREB2BからDREB2Hとのアミノ酸配列レベルでのアラインメントを示す図である。

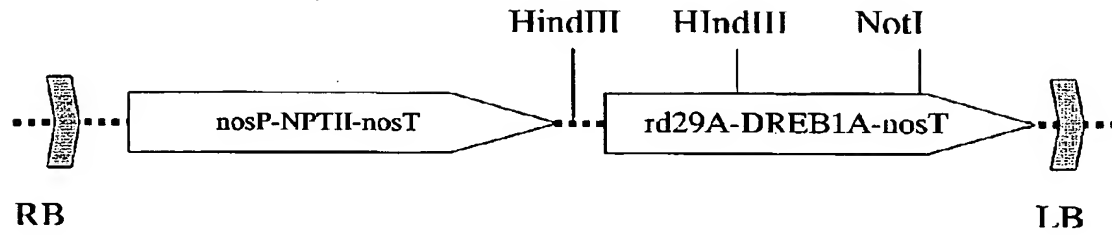
【図 10】 挿し穂生産時の発根性試験の非形質転換体と系統9と系統10の発根性を示す写真である。

【図 11】 定植後の非形質転換体と系統9と系統10の茎長を示すグラフである。

【図 12】 花持ち試験開始後22日の非形質転換体と系統9と系統10の切口の近傍を示す写真である。

【書類名】 図面

【図 1】



【図 2-1】

0009114

+++++

Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1B.nuc
Size : 642
Matching Position : 1 - 642

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
M : 2

Matching : 85.04 [%]
Weight : -451

```
1 : ATGAAGTCAT TTCTGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
***** ** * ** * ** * ** * ** * **
1 : ATGAAGTCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCCG ATTACGAG-- -----CC

61 : TC-AGGCGGT GATTATATTC CGACGCTTGC GAGCAGCTGC CCCAAGAAAC CGGCGGTCG
** ***** ** * ** * * ** * ** ***** **
51 : TCAAGGCGGA GATTATTGTC CGACGTTGCG CACGAGTTGT CCGAAGAAAC CGGCGGCGC

120 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT ATACAGAGGA GTTCGTCCGA GAAACTCCGG
***** ***** ***** ***** ***** * *****
111 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAA GAAACTCCGG

180 : TAAGTGGTT TGTGAGGTTA GAGAACCAA CAAGAAACA AGGATTGGC TCGAACATT
***** * ** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **
171 : TAAGTGGTT TCTGAAGTGA GAGAGCCAA CAAGAAACC AGGATTGGC TCGGAGCTT

240 : TCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGAGCTCA CGACGTTGCC GCTTTAGCCC TTCGTGGCCG
***** ***** ***** ***** ***** ** ***** * *****
231 : CCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGACGTCGCT GCATTAGCCC TCGGTGGCCG

300 : ATCAGCCTGT CTCAATTTCC CTGACTCGGC TTGGAGACTC CGAATCCCG AATCAACTTG
***** ** ***** ***** ***** ** ***** * ***** **
291 : ATCAGCATGT CTCAACTTCC CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCG AGTCAACATG

360 : CGCTAAGGAC ATCCAAAAG CGGCGGCTGA AGCTGCGTTG GCGTTTCAGG ATGAGATGTG
** ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **
351 : CGCAAGGAT ATCCAAAAG CGGCTGCTGA AGCGGCGTTG GCTTTTCAAG ATGAGAGCTG

420 : TGATGCGACG ---ACGGATC ATGGCTTCCA CATGGAGGAG ACGTTGGTGG AGGCTATTTA
*** ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **
411 : TGATGCGACG ACCACGAATC ATGGCTTCCA CATGGAGGAG ACGATGGTGG AAGCTATTTA

477 : CACGGCGGAA CAGAGCGAAA ATGCGTTTTA TATGCACGAT GAGCGGATGT TTGAGATGCC
** ***** ***** ***** ***** * ** * ** * ** * **
471 : TACACGGGAA CAGAGCGAAG GTGCGTTTTA TATGGATGAG GAGACAATGT TTGGGATGCC

537 : GAGTTTGTG GCTAATATGG CAGAAGGAT GCTTTTGCCG CTTCCGTCCG TACAGTGGAA
** ***** * ***** * ** * ** * ** * ** * ** * **
531 : GACTTTGTG GATAATATGG CTGAAGGCAT GCTTTTACCG CCGCGTCTG TTCAATGGAA

597 : TCATAATCAT GAAGTCGACG GCGATCATCA CGACGTATCG TTATGGAGTT ATTAA
***** ** * ** * * ** * ** * ** * ** * ** *
```

【図 2 - 2】

0009114

591 : TCATAATTAT GACGGCGAAG GAGATGGT-- -GACGTGTCG CTTTGGAGTT ACTAA

+++++

Sequence 1 : DREB1A.nuc
Size : 651
Matching Position : 1 - 651

Sequence 2 : DREB1C.nuc
Size : 651
Matching Position : 1 - 651

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*N+ : 2

Matching : 86.70 [%]
Weight : -476

```

1 : ATGAACTCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
*****
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCCT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC

61 : TCAGGCGGTG ATTATATTCC GACGCTTGGC AGCAGCTGCC CCAAGAAACC GCGGGTCGT
*****
61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATA TACAGAGGAG TTCGTGAG AAACCTCGGT
*****
121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAACCTCGGT

181 : AAGTGGGTTT GTGAGGTTAG AGAACCAAAC AAGAAAACAA GGATTGGCT CGGAACATT
*****
181 : AAGTGGGTTT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACGA GGATTGGCT CGGACTTTC

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGAGCTCAC GACGTGCGC CTTTAGCCCT TCGTGGCCGA
*****
241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTGCGC CCATAGCTCT CCGTGGCAGA

301 : TCAGCCTGTC TCAATTTCCG TGACTCGGCT TGGAGACTCC GAATCCCGGA ATCAACTTGC
**
301 : TCTGCCITGC TCAATTTCCG TGACTCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT

361 : GCTAAGGACA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCTGCGTTGG CGTTTCAGGA TGAGATGTGT
**
361 : GCCAAGGAAA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCGGCTTGA ATTTTCAAGA TGAGATGTGT

421 : GATGCGACGA CGGA---TCA TGGCTTCGAC ATGGAGGAGA CGTTGGTGA GGCTATTTAC
**
421 : CATATGACGA CGGATGCTCA TGGTCTTGAC ATGGAGGAGA CCTTGGTGA GGCTATTTAT

478 : ACGGCGGAAC AGAGCGAAAA TCGGTTTTAT ATGCACGATG ACGCGATGTT TGAGATGCCG
**
481 : ACGGCGGAAC AGAGCGAAGA TCGGTTTTAT ATGGATGAAG ACGCGATGTT GGGGATGTCT

538 : AGTTTGTGG CTAATATGCG AGAAGGGATG CTTTGGCCGC TTCCGTCCGT ACAGTGGAAT
**
541 : AGTTTGTGG ATAACATGCG CGAAGGGATG CTTTACCGT CCCGTCGTG TCAATGGAAC

```

【図 2-3】

0009114

```

598 : CATAATCATG AAGTCGACGG CGATGATGAC GACGTATCGT TATGGAGTTA TTAA
      ***** ** * ***** ** ***** ***** ** *****
601 : TATAATTTTG ATGTCGAGGG AGATGAT--- GACGTGTCCT TATGGAGCTA TTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatches       : 1
Gaps             : 1
#N+              : 2

Matching         : 68.72 [%]
Weight           : -233

```

```

1 : ATGAACATCAT TT---TCTGC TTTTCTGAA ATGTTT---- --GGCTCCGA TTACGAGTCT
   ***** ** * ***** ** ***** ***** ** *
1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

52 : TCGGTTTCCT CAGGCGGTGA TTATATTCGG ACGCTTGCGA GCAGCTGCCC CAAGAAACCG
   ***** * ***** * * * * * * * * * * * * * *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

112 : GCGGGTCGTA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CAGCCAATAT ACAGAGGAGT TCGTCGGAGA
   ** ** * * ***** ***** ** ** * * ***** *****
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG

172 : AACTCCGGTA AGTGGGTTTG TGAGGTTAGA GAACCAACA AGAAACAAG GATTTCGCTC
   ** ** ***** * ***** ** ***** ** ** * * ***** *
181 : AATTCTGGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTCGTTA

232 : GGAACATTTG AAACGGCTGA CATGGCAGCT CGAGCTCAGG ACGTTGCCGC TTTAGCCCTT
   ** ** ***** ** * * * * ***** ** * * ***** ** *****
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTTAGCTCTT

292 : CGTGGCCGAT CAGCCTGTCT CAATTTCGCT GACTCGGCTT GGAGACTCCG AATCCCGGAA
   ***** ** * * * ***** ***** ** ** ***** ** * * * *
301 : CGTGGTCGCT CTGCTTGTCT CAATTTCGCT GATTCTGCTT GCGGCTTCG TATTCCTGAG

352 : TCAACTTGCG CTAAGGACAT CCAAAAGGCG GCGGTGAAG CTGCGTTGCC GTTTCAGGAT
   * ***** ***** ** ** ** * * * * ***** ** * * ***** **
361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGCC GTTTCAGAAAT

412 : GAGA----- -TGTGTGAT- ---GCGACG ACGGA-TCA- TCGCTTCGAC A-TGGAGGAG
   ***** 1 * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
421 : GAGACTACGA CGGAGGGATC TAAAACTGCC GCGGAGGCAG AGGAGGCGGC AGGGAGGGG

457 : ACGTTGGTGG AGGCTATTTA CACGGCGGAA CAGAGCGAAA ATGCGTTTTA TATGCACGAT
   * ** ** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
481 : GTGAGGGAGG GGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAAATGTT GTGTGTTTTA TATGCATGAT

517 : GAGGCGATGT TTGAGATGCC GAGTTTGTG GCTAATATGG CAGAAGGGAT GCTTTTGCCG
   ***** * * * ***** * ** * * ***** * * * * *****
541 : GAGGCGCTTT TGGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CGGAGGGGAT GCTTTTGCCG

```

【図 2-4】

0009114

```

577 : CTTCCGTCGG TACAGTGGAA TCATAATCAT GAAGTCGACG GCGATGATGA CGACGTATCG
      * *** * * ***** ***** * ** * *** * * * * ***** **
601 : CCGCCGGAAG TTGGCTGGAA TCATA---AC GACTTTGACG GAG-TG--GC TGACGTGTCA

```

```

637 : TTATGGAGTT -----ATTA A
      * ***** * **
655 : CTCTGGAGTT TTGACGAGTA A

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*NT*           : 2

Matching       : 54.70 [%]
Weight         : 0

```

```

1 : ATGAATCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCGG ATTACGAGTC TTCGGTTTC-
   ***          ****          ****          ** * **
1 : ATG----- -----GAAA----- ---ACGA---CGATATCA

60 : CTCAGCGCGT GATTATATTC CGACGCTTGC GAGCAGCTGC CCCAAGAAAC CGGCGGGTCG
   * ***** **          * **      ** ***** * ** ** **
20 : CCGTGCGGGA GAT----- ---GAAG--- CCAAAGAAGC GTGCTGGACG

120 : TAAGAAGTTT CGTGAGACTC GTCACCCAAT ATACAGAGGA GTTCGTCCGA GAAACTCGCG
   * ** **      ***** * ***** ***** ** ** * * ** **
57 : GAGGATTTTC AAGGAGACAC GTCACCCAAT CTACAGAGGC GTGCGGGCTA GGGACGGCGA

180 : TAAGTGGGTT TGTGAGGTTA GAGAACCAA CAAGAAAACA AGGATTTGGC TCGGAACATT
   ** ***** ** ** ** * ***** * * * * **** ***** *
117 : CAAATGGGTA TGCGAAGTCC GTGAACCGAT TCATCAGCCT CGAGTCTGGC TCGGAACCTA

240 : TCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGAGCTCA CGACGTTGCC GCTTTAGCCC TTCGTGGCCG
   ** ** ** ** ** ** ***** * ** ***** ***** ** * * * * * ** **
177 : TCCGACGGCA GATATGGCCG CACGTGCTCA CGACGTGGCG GTTCTTGCTC TCGCGGGGAG

300 : ATCAGCCTGT CTCATTTTCG CTGACTCGGC TTGGAGACTC CGAATCCCGG AATCAACTTG
   *** ** ** * ***** * ** ** ***** * * * **** *** **
237 : ATCCGCGTGT TTGAATTTCT CCGATTCTGC TTGAGGTTG CCGGTGCCCG CATCCACT--

360 : CGCTAAGGAC ATCAAAGG ---CGGCGG CTGAAGCTGC GTTGGCGTTT CAGGATG-AG
   * * **** * * * **** ***** * ***** ** * * * ** ***** *
295 : -GATCGGAC A-CGATCAGG CGCACGGCGG CCGAAGCAGG GGAGATG-TT CAGGCCGCCG

415 : ATGTGTGATG CGACGACGGA TCATGGCTTC GACATGGAGG AGACGTTGGT GGAGGCTATT
   ** * *      * * * * * * * * * * * * * * * ** * ** *** **
352 : GAGT-TTAGT -AC-AGGAA TTACGGTTTT ACCCT---C AGCC---AGT -GAG---TTT

475 : TACACGGCGG AACAGAGCGA AAATGCGTTT TATATGCAGG ATGAGGCGAT GTTTGAGATG

```

【図 2-5】

-0009114

```

397 : ***** ** * * ** * * ** * ***** * *** *
      GACACGTCGG A-TGA---A GGAGTCGCTG GA-ATG-ATG ATGAGGC--T CGCGGAGGAG

535 : CCGAGTTTGT TG--GCTAAT ATGCCAGA-A GGGATGCTTT TGCCGCTTCC GTCCGTACAG
      *** ** * ** ** ** * * * * * ** ** **** *

448 : CCGTTGATGT CGCCGCCAAG ATCGTACATT GATATG-AAT -ACG----A GTGTGTAC-G

592 : TGGAAATCATA ATCATGAAGT CGACGGCGAT GATGACGACG TATCGTTATG GAGTTATTAA
      **** * * * *** * * ** * * * * ** ***** ***

500 : TGGACGAAGA A-ATG-----TGT TACGAAGATT TGTCACTTIG GAGTTACTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1A.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatches       : 1
Gaps             : 1
*NT             : 2

Matching         : 54.81 [%]
Weight          : -21

```

```

1 : ATGAACTCAT TTTCTGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGTC TTCGGTTTCC
    *****      **** * * **
1 : ATGAA-----TAATG AT-----G AT-----ATTAT

61 : TCAGGCGGTG ATTATATTCC GACGCTTGCG AGCAGCTGCC CCAAGAAACC GCGGGGTGCT
    ** ***** ** * * * * * * * * * *
21 : TCTGGCGGAG AT-----G A-----CGC CTAAGAAGCG TGCGGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATA TACAGAGGAG TTCGTGGGAG AAACCTCCGT
    * **** * * * * * * * * * * * * * * *
58 : AGAGTGTTTA AGGAGACACG TCACCCAGTT TACAGAGGCA TAAGGCGGAG GAACGGTGAC

181 : AAGTGGGTTT GTGAGGTTAG AGAACCAAAC AAGAAAACAA GGATTTGGCT CGGAACATTT
    ** ***** * * * * * * * * * * * * * *
118 : AAATGGGTCT GCGAAGTCAG AGAACCGACG CACCAACGCC GCATTTGGCT CCGGACTTAT

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGAGCTCAC GACGTTGCCG CTTTAGCCCT TCGTGCCCGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * *
178 : CCCACAGCAG ATATGGCAGC GCGTGACACG GACGTGGCGG TTTTAGCTCT CCGTGCGAGA

301 : TCAGCCTGTC TCAATTTCCG TGACTCGGCT TGGAGACTCC GAATCCCGGA ATCAACTTGC
    ** ** * * * * * * * * * * * * * * *
238 : TCCGCATGTT TGAATTTCCG CGACTCCGCT TGGCGGCTTC CGTGCCCGGA ATCCAATGAT

361 : CCTAAGGACA TCCAAAAGGC GCGGCTGAA GCTGCGTTGG CGTTTCAGGA TG--AGATGT
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
298 : CCGATGTGA TAAGAAGAGT TCGGCGGAA GCTGCGGAGA TGTTT-AGGC CGGTGGATT

419 : -GTGA-TGCC ACGACGGATC ATGGCTT---CGACATGG AGSAGACGTT GGTGGAGGCT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
357 : AGAAAGTGA ATTACG-TT TTGCTTGTG CCGGAGATGA TGTGGATTG GGTTTTGGT

```


【図 2-6】

0009114

```

472 : ATTTACACGG C----- GGAACAGA-G CGA-AAATGC GT-TTTATAT GCACGATGAG
      *** *      *** * ** * * * * * * * * * *
416 : CGGGTTCCGG CTCTGGTTCG GGATCGGAGG AGAGGAATTC TTCTTCGTAT GGATTGGAG

520 : GCGATGTTTG AGATGCCGAG TTTGTTGGCT AATATGCCAG AAGGGATGCT TTTGCCGCTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
476 : ACTACG-AAG AAGTCTCAAC GACGATGATG AGACTCGCGG AGGGGCCACT AATGTCGCCG

580 : C--CGTCCGT ACAGTGGAA-----TCA TAATCATG-- -AAGTCGACG --CGCATG--
      * ** *** * * ***** ** * * * * * * * * *
535 : CCGCGATCGT ATA-TGGAAG ACATGACTCC TACTAATGTT TACACGGAAG AAGAGATGTG

623 : --ATGACGAC GTATCGTTAT GGAGT----- -TATTAA
      **** ** * ** * * ***** *****
594 : TTATGAAGAT ATGTCATTGT GGAGTTACAG ATATTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
* N +        : 2

Matching     : 86.33 [%]
Weight       : -471

```

```

1 : ATGAACTCAT TTTGAGCTTT TTCTGAAATG TTYGGCTCCG ATTACGAGCC TC-----
    ***** * * * * *
1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCTT TTCTGAAATG TTYGGCTCCG ATTACGAGTC TCCGCTTCC

53 : -AAGCGCGAG ATTATTGTCC GACGTTGGCC ACGAGTTGTC CGAAGAAACC GCGGGGCGT
    ***** * * * * *
61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGAAGG

112 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAATCCGGT
    *****
121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AAATCCGGT

172 : AAGTGGGTTT CTGAAGTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACCA GGATTGGCT CCGGACTTTC
    ***** * * * * *
181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACCA GGATTGGCT CCGGACTTTC

232 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTCGCTG CATTAGCCCT CCGTGGCCGA
    *****
241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTCGCTG CCATAGCTCT CCGTGGCAGA

292 : TCAGCATGTC TCAACTTCGC TCACTCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA GTCAACATGC
    ** ** **** * * * * *
301 : TCTGCCGTGC TCAATTTGCG TGACTCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT

352 : GCCAAGGATA TCCAAAAGC GGCTGCTGAA GCGGCGTTGG CTTTTCAAGA TGACACGTGT
    ***** * * * * *

```

【図 2-7】

0009114

```

361 : GCCAAGGAAA TCCAAAAGGC GCGCGCTGAA GCGCGCTTGA ATTTTCAAGA TGAGATGTGT
412 : GATACGACGA CCACGAATCA TGGCCTGGAC ATGGAGGAGA CGATGGTGA ACCTATTTAT
    *** ** *
421 : CATATGACGA CGGATGCTCA TGGTCTTGAC ATGGAGGAGA CTTGGTGA GCCTATTTAT

472 : ACACCGGAAC AGAGCGAAGG TCGTTTTAT ATGGATGAGG AGACAATGT TGGGATGCCG
    ** ** *
481 : ACGCCGGAAC AGAGCCAAGA TCGTTTTAT ATGGATGAAG AGGCGATGT GGGGATGTCT

532 : ACITTTGTTG ATAATATGGC TGAAGGCATG CTTTTACCGC GCGCGTCTGT TCAATGGAAT
    * ** *
541 : AGTTTGTTG ATAACATGGC CGAAGGGATG CTTTTACCGT GCGCGTCGGT TCAATGGAAC

592 : CATAATTATG ACGCGGAAGG AGATGCTGAC GTGTCGCTT GGAGTTACTA A
    *****
601 : TATAATTTTG ATGTCGAGG AGATGATGAC GTGTCCTTAT GGAGCTATTA A

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching     : 68.88 [%]
Weight       : -234

```

```

1 : ATGAACATCAT TT---TCAGC TTTTCTGAA ATGTTT--- --GGCTCCGA TTA-CGAGC-
    *****
1 : ATGAATCCAT TTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

50 : -----CTC AAGGCGGAGA TTATTGTCCG ACGTTGGCCA CGAGTTGTCC GAAGAAACCG
    * * * *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

103 : GCGGGCCGTA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CACCCAATTT ACAGAGGAGT TCGTCAAAGA
    ** ** *
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG

163 : AACTCCGTA AGTGGGTTTC TGAAGTGAGA GAGCCAAACA AGAAAACCAG GATTTGGCTC
    ** ** *
181 : AATTCTGGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTGGTTA

223 : GGGACTTTTC AAACCGCTGA GATGGCAGCT CGTGCTCAGC ACGTCGCTGC ATTAGCCCTC
    ** *****
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTAGCTCTT

283 : CGTGGCCGAT CAGCATGTCT CAACTTCGCT GACTCGGCTT GCGCGCTACG AATCCCGGAG
    *****
301 : CGTGGTCTCT CTGCTTGTCT CAAITTCGCT GATTCTGCTT GCGCGCTTCG TATTCTGAG

```

【図 2-8】

-0009114

```

343 : TCAACATGCG CCAAGGATAT CCAAAAAGCG GCTGCTGAAG CGGCGTTGGC TTTTCAAGAT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGGC GTTTCAGAAT

403 : GAGAC----- -GTGTGA-- TACGACGACC AC-GAATCA- TGGCCTGGAC A-TGGAGGAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
421 : GAGACTACGA CGGAGGGATC TAAAACTGCG GCGGAGGCAG AGGAGGCGGC AGGGGAGGGG

451 : ACGATGGTGG AAGCTATTTA TACACCGGAA CAGAGCGAAG GTGCGTTTTA TATGCATCAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
481 : GTGAGGGAGG GGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAATGGTG GTGTGTTTTA TATGCATGAT

511 : GAGACAATGT TTGGGATGCC GACTTTGTTG GATAATATGG CTGAAGGCAT GCTTTTACCG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
541 : GAGGCGCTTT TGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CGGAGGGGAT GCTTTTGCCG

571 : CCGCCGCTCG TTCAATGGAA TCATAATTAT GACGGCGAAG GAGATGGTGA CGTGTGCTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
601 : CCGCCGGAAG TTGGCTGGAA TCATA---AC GACTTTGACG GAGTGGTGA CGTGTCACTC

631 : TGGAGTT--- ---ACTAA
      * * * * * * * * * *
658 : TGGAGTTTTG ACGAGTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1E.nuc
Size            : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 53.38 [%]
Weight            : 2

```

```

1 : ATGAACATCAT TTTCAAGCTTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGAGCC TCAAGGCGGA
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATG----- -GAAA-- -ACGAGC AT---ATCA CCGTGGCGGA

61 : GATTATTGTC CGACGTTGGC CACGAGTTGT CCGAAGAAAC CGGCGGGCCG TAAGAAGTTT
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
30 : GAT----- -GA----- -AG--- CCAAAGAAGC GTGCTGGAGC GAGGATTTTC

121 : CGTGAGACTC GTCACCCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAAA GAAACTCCGG TAAGTGGGTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
67 : AAGGAGACAC GTCACCCAAT CTACAGAGGC GTGCGGCGTA GGGACGGCGA CAAATGGGTA

181 : TCTGAAGTGA GAGAGCCAAA CAAGAAAACC AGGATTGGC TCGGACTTT CCAAACCGCT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
127 : TCGGAAGTCC GTGAACCGAT TCATCAGCGT CGAGTCTGGC TCGGAACCTA TCCGACGGCA

241 : GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGACGTCGCT GCATTAGCCC TCCGTGGCGG ATCAGCATGT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
187 : GATATGGCCG CACGTGCTCA CGACGTGGCG GTTCTTGCTC TGGCGGGAG ATCCGCGTGT

```

【図 2-9】

0009114

```

301 : CTCAACTTCG CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AGTCAAC--A TGGCGCAAGG
    * ** *** $ ** ** $ **** ** * * **** ** ** $ ** $ *
247 : TTGAATTCT CCGATTCTGC TTGGAGGTTG CCGGTGCCCG CATCCACTGA TCCGGACACC

359 : AT-ATCCAAA AAGCGGCTGC TGAAGCGGCG TTGGCTTTTC AAGATG-AGA CGTGTGATAC
    ** $ * $ **** ** ***** ** * * ** $ * $ * $ ** $ ***
307 : ATCAGGCGCA ---CGGCGGC CGAAGCAGCG -GAGATGTC AGGCCGCCCG AGTTTAGTAC

417 : GACGACCACG AATCATGGCC T-GGACATGG AG---GAGAC GATGGTGGA GCTATTATA
    $ *** $ * $ $ $ * $ $ $ ** $ $ $ * $ $ $ $ *
363 : AGGAATTACG -GTTTACCC TCAGCCAGTG AGTTTGACAC GTCGGATGAA G---GAGT

473 : GACCGGAACA GAGCGAAGGT CGCTTTTATA TGGATGAGGA GACAATGTTT GCGATGCCGA
    * * **** ** $ * $ * * * $ * **** $ $ $ $ $ * $ $ $
417 : CGCTGGAA-- --TGATGAT GAG---GC TCGCGGAGGA GCGCTGATG TCGCCGCCAA

533 : CTTTGTGGA TAATATGGCT GAAGGCATGC TTTTACCGCC GCGCTCTGTT CAATGGAATC
    * ** $ ** $ *** $ *** ** ** ** *** $ ****
467 : GATCGTACAT TGATA---T GAA-----TAC---GAGTGTGA C-GTGGACGA

593 : ATAATTATGA CGCGGAAGGA GATGGTGACG TGTGGCTTG GAGTACTAA
    $ ** $ ** **** ** **** ***** *****
507 : AGAAATGTG- TTACGAA--- ---GATT TGTCACTTG GAGTACTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.nuc
Size            : 642
Matching Position : 1 - 642

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatch      : 1
Gaps          : 1
*nt           : 2

Matching      : 56.23 [%]
Weight        : -34

```

```

1 : ATGAAGTCAT TTTCAGCTTT TTCTGAAATG TTGGCTCCG ATTACGAGCC TCAAGCGGGA
    ***** $ ** $ * $ **** *****
1 : ATGAA-TAAT GATGATATTA TTCT-----GCGGGA

61 : GATTATTGTC CGACGTTGGC CACGAGTTGT CCGAAGAAAC CGCGGGGCGG TAAGAAGTTT
    *** ** $ ** ***** $ ***** $ * ****
30 : GAT-----GA---GG CCTAAGAAGC GTCGGGAAG GACAGTGTTT

121 : CGTGAGACTC GTCACCAAT TTACAGAGGA GTTCGTCAA GAACTCCG TAAGTGGTT
    ***** $ ***** $ ***** $ * $ $ * $ *** $ ** *****
67 : AAGGAGACAC GTCACCCAGT TTACAGAGGC ATAAGGCGGA GGAACGTTGA CAAATGGGTC

181 : TCTGAAGTGA GAGAGCCAAA CAAGAAAACC AGGATTTGGC TCGGACTTT CCAACCGCT
    * ***** $ **** ** $ $ ** $ $ ***** ***** $ ** **
127 : TCGGAAGTGA GACAACCGAC GCACCAACGC CGCATTTGGC TCGGACTTA TCCACAGCA

241 : GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGACGTCCT GCATTAGCCC TCGTGCGCG ATCAGCATGT

```

【図 2-10】

-0009114

```

187 : GATATGGCAG CGCGTGCACA CGACGTGGCG GTTTTAGCTC TCGTGGGAG ATCCGCATGT
301 : CTCAACTTCG CTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AGTCAACATG CGCC-AAGGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
247 : TTGAATTTCG CCGACTCCGC TTGGCGGCTT CCGGTGCGCG AATCCA-ATG ATCCGGATGT
360 : TATCCAAAAA GCGGCTGCTG AAGCGGCGTT GGCTTTTCAA GATGAGACGT GTGATACGAC
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
306 : GATAAGAAGA GTTGCGGCGG AAGCTCGCGA GATGTTTAGG CCGGTGGATT TAGAAAGTGG
420 : GACCACGAAT ---CATGGC CTGGACATG- -GAGGA--- GACGATGGT- -CG---AAG
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
366 : AATTACGGTT TTGCTTTGTG CCGGAGATGA TGTGGATTG GGTTTTGGTT CCGGTTCGGG
464 : CTAT--TTAT ACACCGGAAC AGAGCGAAGG TCGGT-TTTA TATGGATGAG GAGACAATGT
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
426 : CTCTGGTTCG GGATCGGAGG AGAG-GAA- TTCCTCTTCG TATGGATTG GAGACTACG-
521 : TTGGGATGCC GACTTTGTG GATAATA-TG GCTGAAGG-- CA-TGCTTTT ACCGCCGC--
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
482 : AAGAAGTCTC AACGACGAT- GATGAGACTC GCGGAGGGGC CACTAATGTC GCCGCCCGGA
575 : -CGTCTGTTT AA---TGGAA TCATAATTAT G-----ACGG CGAAGGAGAT G-GT-----
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
541 : TCGTATATGG AAGACATGAC TCCTACTAAT GTTTACACGG AAGAAGAGAT GTGTTATGAA
619 : GACGTGTCGC TTTGGAGTTA C-----TAA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
601 : GATATGTCAT TGTGGAGTTA CAGATATTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.nuc
Size            : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#N+          : 2

```

```

Matching      : 68.34 [%]
Weight       : -233

```

```

1 : ATGAATCAT TT---TCTGC CTTTCTGAA ATGTTT--- --GGCTCCGA TTACGAGTCT
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

52 : CCGGTTTCCT CAGCGGCTGA TTACAGTCCG AAGCTTGCCA CGAGCTGCCC CAAGAAACCA
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA

112 : GCGGGAAGGA AGAAGTTTCG TGAGACTCGT CACCCAATTT ACAGAGGAGT TCCTCAAAGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCCTCAGAGG

```

【図 2-11】

0009114

```

172 : AACTCCGTA AGTGGGTG TGAGTTGAGA GAGCCAAACA AAAAAACGAG GATTTCGCTC
    ** ** *** * **** ** ** * ** * ** * ** * ** *
181 : AATTCTGGTA AATGGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AAAAACTAG GATTTCGCTA

232 : GGGACTTTTC AAACCGCTGA CATGGCAGCT CGTGCTCAGC ACGTCGCCGC CATAGCTCTC
    ** **** * * * * ** **** * ** * ** * ** *
241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTAGCTCTT

292 : CGTGGCAGAT CTGCTGTCT CAATTCGCT GACTCGGCTT GGGGCTACG AATCCCGGAA
    ***** * * **** ***** ** ** **** ***** ** ** **
301 : CGTGGTCTCT CTGCTGTCT CAATTCGCT GATTCTGCTT GCGGCTTCG TATTCCTGAG

352 : TCAACCTGTG CCAAGGAAAT CAAAAGGCG CGGCTGAAG CCGGTTGAA TTTCAAGAT
    * ** ** * **** ** ** ** ** **** * ** * **** **
361 : ACTACTGTG CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT CGCTCTGAAG CTGCAATGCC GTTTCAGAAT

412 : GAGA-----TGTGTCTA TGA-----CG ACGGATGCTC ATGCTCTGA CA-TGGAGGA
    **** * * ** * * ** **** * ** * ****
421 : GAGACTAGCA CGGAGGATC TAAACTGCC GCGGAGGAG A-GGAGGCG CAGGGAGGAG

459 : GAGCTTGGTG GAGGCTATT ATACGCCGGA ACAGAGCCAA GATGCGTTT ATATGGATGA
    * ** * * * * ** **** * ** **** *****
480 : GGTGAGGAG GGGAGAGGA GGGCGGAGGA GCAGATGGT GGTGTGTTT ATATGGATGA

519 : AGAGGCGATG TTGGGGATGT CTAGTTTGT GGATAACATG GCCGAAGGGA TGCTTTTACC
    ***** * **** * * ** ** ** ** **** * ** ****
540 : TGAGGCGCTT TTGGGGATGC CCAACTTTT TGAGATATG GCGGAGGGA TGCTTTTGC

579 : GTCGCCGTC GTTCAATGGA ACTATAATT TGATGTCGAG GGAGATGATG ACGTGCCTT
    * **** ** **** * **** ** * ** **** * ** ****
600 : GCGGCCGGA GTTGGCTGGA ATCATAA---CGACTTTGAC GGAGTGGTG ACGTGCCTT

639 : ATGGAG---CTATTAA
    ***** * * **
657 : CTGGAGTTT GACGAGTAA

```

+++++

```

Sequence 1 : DREB1C.nuc
Size : 651
Matching Position : 1 - 651

```

```

Sequence 2 : DREB1E.nuc
Size : 546
Matching Position : 1 - 546

```

Matching Condition.

```

Matches : -1
Mismatch : 1
Gaps : 1
*nt : 2

Matching : 54.95 [%]
Weight : 1

```

```

1 : ATGAAGTAT TTTCTGCTT TTCTGAAATG TTTGGCTCCG ATTACGATC TCCGGTTTCC
    *** **** * ** ** **
1 : ATG-----GAAA---ACGACG AT---ATC ACCG-----

61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGGAAGG
    ***** ** **** * * **** * ** **

```

【圖 2-12】

0009114

23 : --TGGCGGAG AT----- GAAG----- -----C CAAAGAAGCG TGCTGCACGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AACTCCCGT
* * * * * ***** * * * * *

58 : AGGATTTTCA AGGAGACACG TCACCCAATC TACAGAGGCG TGCGGCGTAG GGACGCCGAC

181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAAACGA GGA-TTTGGC TCGGGACTTT
** ***** * * * * * ** * * * * * * * **** ****

118 : AAATGGGTAT GCGAAGTCCG TGAACCAGATT CA-TCAGCGT CGAGTCTGGC TCGGAAGTTA

240 : CCAAACCGCT GAGATGGCAG CTCGTGCTCA CGAGCTGCC GCCATAGCTC TCCGTGGCAG
* * * * * ** ***** * * ***** **** * * * * *

177 : TCCGACGGCA GATATGGCCG CACGTGCTCA CGAGTGCCG GTTCTTGCTC TCGCGGGCAG

300 : ATCTGCCTGT CTCAATTTCC GTGACTCGGC TTGGCGGCTA CGAATCCCGG AATCAACCTG
*** ** *** * **** * * * * * **** * * * * * * * ****

237 : ATCCGCGTGT TTGAATTTCT CCGATTCTGC TTGGAGGTTG CCGGTGCCGG CATCCA-CTG

360 : TGCCAAGGAA ATCCAAAAGG ---CGGCGG CTGAAGCCGC GTTGAATTT CAAGATGAGA
** *** * * * * ***** * * * * * * * * * *

296 : ATCC--GGAC A-CGATCAGG CGCACGCCGG CCGAAGCAGC GGAG-ATGTT CAGGCCG-CC

416 : TGTGTATAT GACGACGGAT GCTCATGCTC TTGACATGGA GGAGACCTTG GTGGAGGCTA
* * * * * ** *** * * * * ** * * * * * * * ****

351 : GGAGT-TTAG TAC--AGGA- -ATTACGGT TTACCCT--- -CAG-CC--A GT-GAG---T

476 : TTTATACGCC GGAACAGAGC CAAGATGCGT TTTATATGGA TGAAGAGGCG ATGTTGGGGA
** *

395 : TTGACACGTC GGA-TGA- -AGGAGTGC TGGA-AT-GA TGATGAGGC- ---TCGCGGA

536 : TGTCTAGTTT GT-TGGATAA CATGCCCGAA GGGATGCTTT TACCGTCGCC GTCGGTTCAA
* *

444 : GGAGCCGTTG ATGTCGCCCG CAAGATCGTA -CATTGATAT GA--ATACGA GTGTGTAC-G

595 : TGAAGTATA ATTTTGATGT CGAGCGAGAT GATGACGTGT CCTTATGGAG CTATTAA
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

500 : TGGACGAAGA A----ATGT ----GTTAC GAAGATTGT CACTTTGGAG TTAATAA

+++++

```
Sequence 1      : DREB1C.nuc
Size           : 651
Matching Position : 1 - 651
```

```
Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630
```

Matching Condition.

```
Matches      :    -1
Mismatches   :      1
Gaps         :      1
*#*#         :      2

Matching     :    56.10 [%]
Weight       :   -35
```

1 : ATGAACTCAT TTTCTGCCTT TTCTGAAATG TTGGCTCGG ATTACGAGTC TCGGTTTCC
 ***** * * * *
 1 : ATGAA-----TAATG AT-----G AT-----ATTAT

【図 2-13】

0009114

```

61 : TCAGGCGGTG ATTACAGTCC GAAGCTTGCC ACGAGCTGCC CCAAGAAACC AGCGGGAAGG
   ** **** * **      ** * * * **** * ****
21 : TCTGGCGGAG AT----- --GA--GGC CTAAGAAAGC TCGGGAAGG

121 : AAGAAGTTTC GTGAGACTCG TCACCCAATT TACAGAGGAG TTCGTCAAAG AACTCCGCT
   * **** * **** ** **** ** **** * * * * *
58 : AGAGTGTTTA AGGAGACAGC TCACCCAGTT TACAGAGGCA TAAGGCGGAG GAACGCTGAC

181 : AAGTGGGTGT GTGAGTTGAG AGAGCCAAAC AAGAAACGA GGATTGGCT CGGGACTTTC
   ** **** * * * * * ** * * * * * * * * * ****
118 : AAATGGGTCT GCGAAGTCAG AGAACCGACG CACCAACGCC GGATTGGCT CGGGACTTAT

241 : CAAACCGCTG AGATGGCAGC TCGTGCTCAC GACGTGCGCG CCATAGCTCT CCGTGGCAGA
   * ** * * * **** * **** * * * * * **** *
178 : CCCACAGCAG ATATGGCAGC GCGTGCACAC GACGTGCGCG TTTTAGCTCT GCGTGGGAGA

301 : TCTGCCGTGC TCAATTTGCG TGAATCGGCT TGGCGGCTAC GAATCCCGGA ATCAACCTGT
   ** ** * * * **** * **** * * **** * * **** *
238 : TCGCATGTTT TGAATTTGCG CGACTCGGCT TGGCGGCTTC CCGTCCCGGA ATCCAATGAT

361 : GCCAAGGAAA TCCAAAGGC GCGGCTGAA GCCGCTTGA ATTTCAAGA TG--AGATGT
   * * * * * ** * **** * * * * * ** * * * *
298 : CCGGATGTGA TAAGAAGAGT TCGGCGGAA GCTGCGGAG- ATGTTTAGGC CCGTGGATT

419 : GTCATATG-- ACGACGGATG CTCATGGT-C TTGACATG-- CAGGA--G ACCTTGGTGG
   * ** * **** * * * * * ** * * * * *
357 : AGAAAGTGA ATTACGGTTT TCGCTTGTC GGGAGATGAT GTGGATTGG GTTTGGTTT

470 : AGGTATTTA TACG--CCG GAACAGGCC AAG--ATGCG T-TTATATG GATGAAGAG
   ** * * * * * * * * * * ** * * * * *
417 : GGGTCCGCG TCTGGTTCG GATCGGAGGA GAGGAATTCT TCTTCGTATG GATTGGAGA

524 : CGATGTTGGG GATGCTAGT TTGTGGATA ACA-TGGCGG AAGGATGCT TTTACGTCG
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
477 : CTACGAAGAA G-TCTCAACG ACGAT-GATG AGACTCGCGG AGGGCCACT AATGTCGCG

583 : CCGTCGGT-- TCAATGGA-- -----C TA-TAATTTT GATGTCGAGG --GAGATG--
   *** ** * * **** * * **** * * * * *
535 : CCG-CGATCG TATATGAAG ACATGACTCC TACTAATGTT TACACGGAAG AAGAGATGTG

626 : --ATGACG-- -TGTCCTTAT GG-----AG CTATTAA
   **** * **** * * * * * **
594 : TTATGAAGAT ATGTCATTGT GGAGTTACAG ATATTAA

```

+++++

Sequence 1 : DREB1D.nuc
 Size : 675
 Matching Position : 1 - 675

Sequence 2 : DREB1E.nuc
 Size : 546
 Matching Position : 1 - 546

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2

Matching : 51.26 [%]
 Weight : 29

【図 2-14】

0009114

```

1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAG ATTCCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT
   ***          **          ** * ** * ***
1 : ATG-----GA-----AAACGACGA T-----ATCA

61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA
   ** ** * * **          * *** ** ***** **
20 : CC-GTGGCGG A-----GA-----T GAAG---CC AAAGAAGCGT

121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG
   ***** ** ** * ***** ** * * ***
49 : GCTGGACGGA GGATTTTCAA GGAGACACGT CACCCAATCT ACAGAGGCGT GCGGCGTAGG

181 : AATTCTGGTA AATGGCTTTC TCAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAATCTAG GATTTGGTTA
   * * * ***** ** ***** * ** * * * * *
109 : GACGCGCACA AATGGGTATG CGAAGTCCGT GAACCGATTC ATCAGCGTCG AGTCTGGCTC

241 : GGTACTTTTC CCACGCTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGTGTC TTAGCTCTT
   ** **** ** ***** ** ***** * * * * * * *
169 : GGAACCTTATC CGACGGCAGA TATGGCCGCA CGTGCTCAGC ACGTGGCGGT TCTTGCTCTG

301 : CGTGGTGGCT CTGCTTGTCT CAATTTCCGT GATTCTGCTT GCGGCGTTCC TATTCCTGAG
   ** ** * * * * * ***** * * * * * * *
229 : CGCGGGAGAT CCGCGTGTTC GAATTTCTCC GATTCTGCTT GGAGTTGCC GGTGCGGCA

361 : ACTACTTGTC CTAAGGAGAT TCAGAAAGCT GCGTCTGAAG CTGCAATGCC GTTCAGAAT
   * *** ** * * * * * * * * * * * *
289 : TCCACTGATC CGGACACGAT CAGCGGCACG GCGGCCGAAG CAGCGGAGAT G-TTCAG--

421 : GAGACTACGA CCGAGGGATC TAAAACTGCG GCGGAGGCAG AGGAGCGGC AGGGGAGGGC
   ** ***** * ** * * * * * * *
345 : ---GCCGC CGGAG---TT TAGTACAG-G AATTA---CGG TTTTACCCTC A-GCCAGTGA

481 : GTGAGGGAGG CGGAGAGGAG GCGGAGGAG CAGAATGCTG GTGTGTTTAT TATGGATGAT
   ** * * * * * * * * * * * *
393 : GTTTGACACG TCG-CATGAA GGACTGCTG --GAATGATG ATGAG-----GCTGCGGAG

541 : GAGCGGCTTT TGGGGATGCC CAACTTTTTT GAGAATATGG CCGAGGGGAT GCTTTTGCCG
   *** ** * ** * * * * * * *
445 : GAGCCGTTGA TGTGCGCGCC AAGATCGTAC ATTGATAT-----GAAT ACGAGTG--

601 : CCGCCGGAAG TTGCTGGAA TCATAACGAC TTTGACGGAG TGGGTGACGT GTCACCTGCG
   * * * * * * * * * * * *
494 : ---TGACG TGGAC---GAA --GAAATG-- TGTACGAA--GATTT GTCACTTTGC

661 : AGTTTTGACG AGTAA
   **** * ***
538 : AGTT-----ACTAA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1D.nuc
Size            : 675
Matching Position : 1 - 675

```

```

Sequence 2      : DREB1F.nuc
Size            : 630
Matching Position : 1 - 630

```

Matching Condition.

【図 2-15】

0009114

```
Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Ht          : 2

Matching      : 54.92 [%]
Weight       : -24
```

1 : ATGAATCCAT TTTACTCTAC ATTCCCAGAC TCGTTTCTCT CAATCTCCGA TCATAGATCT

1 : ATGAAT----- -AAT---GA TGATATTATT

61 : CCGGTTTCAG ACAGTAGTGA GTGTTACCA AAGTTAGCTT CAAGTTGTCC AAAGAAACGA
* ** * * *
22 : CTGG---CGG AGA---TGA -----GCCC TAAGAAGCGT

121 : GCTGGGAGGA AGAAGTTTCG TGAGACACGT CATCCGATTT ACAGAGGAGT TCGTCAGAGG
** ** ****
49 : GCGGAAGGA GAGTGTAA GAGACACGT CACCCAGTTT ACAGAGGCAT AAGCGGAGG

181 : AATTCTGTA AATGGTTTG TGAAGTTAGA GAGCCTAATA AGAAATCTAG GATTTGGTTA
** ** *
109 : AACGGTGACA AATGGTCTG CGAAGTCAGA GAACGACGC ACCAACGCCG CATTGGCTC

241 : GGTACTTTTC CGACGGTTGA AATGGCTGCT CGTGCTCATG ATGTTGCTGC TTTAGCTCTT
** **** *
169 : GGGACTTATC CCACAGCAGA TATGGCAGCG CGTGCCACAG ACGTGCGGT TTTAGCTCTG

301 : CGTGGTGCCT CTGCTGTCT CAATTCGCT GATTCGCTT GCGGCTTCG TATTCCTCAG

229 : CGTGGGAGAT CCGATGTTT GAATTCGCC GATCCGCTT GCGGCTTCG GGTCCCGAA

351 : ACTACTTTC CTAAGGAGAT TCAGAA-AGC TCGCTCTGAA GCTGCAATGG CGTTTCAGAA
* * *
289 : TCCAATGATC CGGATGTGA- TAAGAAGAGT TCGGCGGAA GCTGCGGAGA TGTTTAGGCC

420 : TG-AGACTAC GACGAGGGA TCTAAACTG CGGC---GGA GGCAGAGGAG GCGG-CAGGG
* * *
348 : GGTGGATTTA GAAAGTGAA T-TACGGTTT TGCCTTGTG GGGAGATGAT GTGGATTGG

475 : GAGGGGCTCA GGG---AGGG GGAGAGGAGC G---CGGAGGA GCAGAATGGT GGTGTGTTTT
* * *
407 : GTTTTGGTTC GGGTCCGGC TCTGGTTCGG GATCGGAGGA GAGGAAT--- -TCTTCTTC

530 : ATATGCATGA TGAGGCGCTT TTGGGGATG- CCCAACTTTT TTGA-GAATA TGGCGGAGGG

462 : GTATGGATTG GGAGAC---T ACGAAGAAGT CTCAACGACG ATGATGAGAC TCGCGGAGGG

588 : GATGCTTTTG CCGCCGCCG- GAAGTTGGCT GGAA-TCATA A---CGAC---TTTGAC
* **
519 : GCCACTAATG TCGCCGCCG GATCGTATAT GGAAGACATG ACTCTACTA ATGTTTACAC

637 : GGA-----GTG---G GTGACGTCTC ACTCTGAGT TTTGACGAGT AA

579 : GGAAGAAGAG ATGTGTTATG AAGATATGTC ATTGTGGAGT TACAGATATT AA

+++++

Sequence 1 : DREB1E.nuc
Size : 546

【図 2-16】

0009114

Matching Position : 1 - 546

Sequence 2 : DREB1F.nuc
Size : 630
Matching Position : 1 - 630

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*N+ : 2

Matching : 69.26 [%]
Weight : -221

```

1 : ATGGAACG ACGATATCAC CGTGGCCGAG ATGAAGCCAA AGAAGCGTGC TGGACGGAGG
   *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGAATAATG ATGATATTAT TCTGGCGGAG ATGAGGCCCTA AGAAGCGTGC GGAAGGAGA

61 : ATTTTCAAGG AGACACGTCA CCCAATCTAC AGAGCGGTGC GGCGTAGGGA CGGCGACAAA
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : GTGTTTAAGG AGACACGTCA CCCAGTTTAC AGAGGCATAA GGCGGAGGAA CGGTACACAA

121 : TGGGTATGCG AAGTCGGA ACCGATTTCAT CAGCGTCGAG TCTGGCTCGG AACTTATCCG
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : TGGGTCTGCG AAGTCAGAGA ACCGACGCAC CAACGCCGCA TTTGGCTCGG GACTTATCCC

181 : ACGGCAGATA TGGCCGACG TGCTCAGCAC GTGGCGGTTT TGTCTCTCGG CGGAGATCC
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
181 : ACAGCAGATA TGGCAGCGG TGCACACGAC GTGGCGGTTT TAGCTCTCGG TGGAGATCC

241 : GCGTGTITGA ATTTCTCGGA TTCTGCTTGG AGGTTCCCGG TGGCGGATC CACTGATCCG
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
241 : GATGTITGA ATTTCCCGGA CTCCGCTTGG CGGCTTCCGG TGGCGGAATC CAATGATCCG

301 : GACACGATCA GCGCGACGGG GCGCGAAGCA GCGGAGATGT TCAGGCCGCC GGAGTTAG-
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
301 : GATGTGATAA GAAGAGTTGC GCGGGAAGCT GCGGAGATGT TTAGGCCGGT GCA-TTAGA

360 : TACAGGAATT ACGGTTTTAC CCTCAGC-C AG----- -TGAGTT T-----
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
360 : AAGTGAATT ACGGTTTTGC CTTGTGCGG AGATGATGTG GATTGGGTT TTGCTCGGG

397 : ----- CACA- ----- -CGT-CGGAT -----
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
420 : TTCCGCTCT GGTTCGGAT CCGAGGAGAG GAATTCCTCT TCGTATGGAT TTGGAGACTA

409 : -GAAGGATC GTGGAATCA TGATGAGCT CCGGAGGAG CCGTTGATGT CGCCGCCAAG
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
480 : CGAAGAATC TCAACGACCA TGATGAGCT CCGGAGGGG CCACTAATGT CGCCGCCGCG

468 : ATCGTACAT- -TGATATGA -ATACGAG TGTGTACGTG GACGAAGAAA TGTGTTACGA
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
540 : ATCGTATATG GAAGACATCA CTCCTACTAA TGTTTACAGG GAAGAAGAGA TGTGTTATGA

522 : AGATTTGTCA CTTTGAATT AC-----TA A
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
600 : AGATATGTCA TTGTGAATT ACAGATATTA A
  
```

【図 3-1】

[GENETYX-MAC: Maximum Matching]
Date: 2003.03.03

0046368

+++++

Sequence 1 : DREB1A.aa
Size : 216
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1B.aa
Size : 214
Matching Position : 1 - 214

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
: 2
Matching : 85.78 [%]
Weight : -148

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

1 : MNSFSAFSEM FGSDYE---P QGGDYCPTLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

61 : KVVCEVREP N KTRIWLGT F QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFAFSA WRLRIPESTC

58 : KVVCEVREP N KTRIWLGT F QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFAFSA WRLRIPESTC

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC D-ATTNIGFD MEETLVEAIY TAEQSENAFY MHDEAMFEMP

118 : AKDIQKAAAE AALAFQDETC DTTTNNHGLD MEETMVEAIY TPEQSEGAFY MDEETMFGMP

180 : SLLANMAEGM LLPLPSVQWN HNHVDGDDDD DVSLWSY-
**
178 : TLLDNMAEGM LLPPPSVQWN HNYDGEG-DG DVSLWSY*

+++++

Sequence 1 : DREB1A.aa
Size : 216
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2 : DREB1C.aa
Size : 217
Matching Position : 1 - 217

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
: 2
Matching : 86.70 [%]
Weight : -154

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESPVS SGGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG

61 : KVVCEVREP N KTRIWLGT F QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFAFSA WRLRIPESTC

【図 3-2】

0046368

```

61 : KIVYCELREP KKTRIWLGT QTAEMAARAH DVAAIALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEM DATD-HGFD MEETLVEAIY TAEQSENAFY MHDEAMFEMP
    ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : AKEIQKAAAE AALNFQDEM HMTTDAHGLD MEETLVEAIY TPEQSQDAFY MDEEAMLGMS

180 : SLLANMAEGM LLPLPSVQWN HNHEVDGDDV DYSLWSY-
    *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
181 : SLLDNMAEGM LLPSPSVQWN YNFDVEG-DD DYSLWSY*
  
```

++++

```

Sequence 1      : DREB1A.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216
  
```

```

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224
  
```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H*         : 2

Matching      : 65.04 [%]
Weight       : -56
  
```

```

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYES SVSSGGDYIP TLASSCPKKP AGRKKFRETR HPIYRGVRRR
  ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHR SVDSSSECS P KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRCVRQR
  
```

```

58 : NSGKIVCEVR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
    ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : NSGKIVCEVR EPNKKSRIWL GTFPIVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
  
```

```

118 : STCAKDIQKA AEAALAFQD EMCDATDNG FOMEETLVE- ---AIYTAE QSENAFYMH
    ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTTEGSKTA AEAEAAEGEG VREGERRAE QNGGVFYMD
  
```

```

173 : EAMFEMPSLL ANMAEGMLLP LPSVQWNNH EVGDGDDVDS LWS--Y
    ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGNHNN- DFDG-VGDVS LWSFDE
  
```

++++

```

Sequence 1      : DREB1A.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216
  
```

```

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181
  
```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H*         : 2

Matching      : 45.87 [%]
Weight       : 32
  
```

【図 3-3】

-0046368

```

1 : MNSFSAFSEM FGS DYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG
* * * * *
1 : M----- -ENDDI-TVA EMKPKKRAGR RIFKETRHPI YRGVRRRDCD

61 : KNVCEVREPN KKTIRIWLGTQ QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
***** * * * *
40 : KNVCEVREPI HQRRVWLGTQ PTADMAARAH DVAALALRGR SACLNFSOSA WRLPVPASTD

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTOHGFDM EETLVEAIYT AEQSENAFYM HDEAMFEMPS
* * * * *
100 : PDTIRRTAAE AA-----EM-----FRP PE--FSTGIT VLPSASEFDT SDEGVAGMMH

181 : LLANMAEGML LPLPSVQWNI NHEVD--GDD DDVSLWSY
* * * * *
145 : RLA-EEPLMS PPRSVIDMNT SVYVDEENCY EDLSLWSY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREBIA.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREBIF.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2
Matching     : 43.91 [%]
Weight       : 42

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGS DYESSVS SGGDYIPTLA SSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRRRNSG
* * * * *
1 : MN----- -NDDI-ILA EMKPKKRAGR RIFKETRHPI YRGVRRRDCD

61 : KNVCEVREPN KKTIRIWLGTQ QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
***** * * * *
40 : KNVCEVREPI HQRRVWLGTQ PTADMAARAH DVAALALRGR SACLNFSOSA WRLPVPASTD

121 : AKDIQKAAAE AALAFQDEMC DATTOHGFDM EETLVEAIYT AEQSENAFYM HDEAMFEMPS
* * * * *
100 : PDVIRRVAAE AAEMFRPVOL ESGITYLPCA GDDVDLGFGS GSGSGSGSEE RNSSSYGFGD

175 : MFEMPSLLAN MAEGMLPLP -----SVQW NHHNEVDGDD DDVSLWS--Y
* * * * *
160 : YEEVSTTMMR LAEGPLMSPP RSYMEDMTPT NVYTEEENCY EDMSLWSYRY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREBIB.aa
Size            : 213
Matching Position : 1 - 213

```

```

Sequence 2      : DREBIC.aa
Size            : 217
Matching Position : 1 - 217

```

【図 3-4】

0046368

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching     : 86.18 [%]
Weight       : -153

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGSDYE---P QGGDYCPTLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRQRNSG
   *****
1 : MNSFSAFSEM FGSDYESPVS SGGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRQRNSG

58 : KQVSEVREP NKKTRIWLGT QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC
    *** * ****
61 : KQVCELREP NKKTRIWLGT QTAEMAARAH DVAALALRGR SACLNFADSA WRLRIPESTC

118 : AKDIQKAAE AALAFQDET DTTTTHGLD MEETMVEAIY TPEQSEAFY MDEETMFGMP
    ** *****
121 : AKDIQKAAE AALAFQDET HMTTDAHGLD MEETMVEAIY TPEQSEAFY MDEETMFGMP

178 : TLLDNMAEGM LLPPSPVQWN HNYDGEDGD VSLWSY-
    *****
181 : TLLDNMAEGM LLPPSPVQWN HNYDGEDGD VSLWSY-

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1B.aa
Size            : 213
Matching Position : 1 - 213

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching     : 65.93 [%]
Weight       : -56

```

```

1 : MNSF-SAF- SEMFGSDYEP QGGD---YCP TLATSCPKKP AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
   ** * * *
1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRS PVSDSSECS KLASCPKRP AGRKKFRETR HPIYRGVRQR

55 : NSGKQVSEVR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
    *****
61 : NSGKQVSEVR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE

115 : STCAKDIQKA AAEALAFQD ETCDDTTTTH GDMEE---T MVE---AIYTP EQSEGAIFYMD
    ** * ****
121 : TTCPEKIQKA AEAALAFQN ET-TTEGSKT AEAEEAAGE GYREGERRAE EQNGGVIFYMD

170 : EETMFGMPTL LDNMAEGMLL PPSPVQWNHN YDGEDGDVYS LWS---Y
    *
180 : DEALLGMPNF FENMAEGMLL PPPEVGWNHN -DFDGVGDVYS LWSFDE

```

【図 3-5】

0046368

+++++

Sequence 1 : DREB1B.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREB1E.aa
 Size : 181
 Matching Position : 1 - 181

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #Nt : 2
 Matching : 44.95 [%]
 Weight : 34

1 : MNSFSAFSEM FGSDYEPQGG DYCPATLASC PKKPAGRKKF RETRHPIYRG VRQRNSGKWW
 * * * * *
 1 : M-----E HDDITVAEMK PKKRAGRRIF KETRHPIYRG VRRRDGDKWW

61 : SEVREPNNKT RIWLGTFQTA EMAARAHDA ALALGRSAC LNFADSAWRL RIPESTCAKD

 43 : CEVREPIHQR RVWLGTYPTA DMAARAHDA VLALGRSAC LNFADSAWRL PVPASTDPOT

121 : IQKAAAEAL AFQDETCDDT TTNHGLDWE TIVEAIYTPQ SECAFYMD EFMFGMPTLL
 * * * * *
 103 : IIRTAEEAE MFRPPEFSTG IT-----VLPS ASE--FDTSD EGVACMMRL

181 : DNMAEGMLLP PPSVQWNNH- --YDGE-GD GDVSLWSY
 ** * * * *
 147 : ---AEEPLMS PPRSVIDWNT SVYVDEEMCY EDLSLWSY

+++++

Sequence 1 : DREB1B.aa
 Size : 213
 Matching Position : 1 - 213

Sequence 2 : DREB1F.aa
 Size : 209
 Matching Position : 1 - 209

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #Nt : 2
 Matching : 43.72 [%]
 Weight : 43

1 : MNSFSAFSEM FGSDYEPQGG DYCPATLASC PKKPAGRKKF RETRHPIYRG VRQRNSGKWW
 ** * * * *
 1 : MN-----HDDIILAEMR PKKRAGRRVF KETRHPIYRG IRRRNGDKWW

61 : SEVREPNNKT RIWLGTFQTA EMAARAHDA ALALGRSAC LNFADSAWRL RIPESTCAKD

 43 : CEVREPIHQR RIWLGTYPTA DMAARAHDA VLALGRSAC LNFADSAWRL PVPESNDPDV

121 : IQKAAAEAL AF---QDETC DTTTNHGLD MEETMVEAIY TPEQSE----CAFYMDDE

【図 3-6】

0046368

```

103 : IRRVAAEAAE MFRPVDLESG ITVLPCAGDD VDLGFGSGSG SGSGSEERNS SSYGFGDYEE
172 : TMFGMPTLLD NMAEGMLLP P-----SVQ WHHNYDGE-G DGDVSLWS- Y
163 : VSTTHMRL-- --AEGPLMSP PRSYMEDMTP THVYTEEMC YEDMSLWSYR Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 65.33 [%]
Weight       : -59

```

```

1 : MNSF-SAF-- SEMFGSDYES PVSSGGDYSK KLATSCPCKP AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
  : ** * * * * ** * *** ** *** ***** *****
1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDSSECSK KLASSCPCKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR

```

```

58 : NSGKWVCELR EPNKKTRIWL GTFQTAEMAA RAHDVAAIAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
   : ***** * ***** **** * **** ***** ** *****
61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE

```

```

118 : STCAKEIQKA AEAALNFQ- ---DEMCHMT TDAHGLDMEE TLVEAIYTPY QSQDAFYMDE
   : ** ***** * *** ** * * * * * * * *
121 : TTCPKYIQKA AEAAMAFQN ETTTEGSKTA AEAEAAAGEG VREGERRAE QNGGVFYMD

```

```

174 : EAMLCMSLL DNMAEGMLLP SPSVQWNYNF DVEGDDVSL WS--Y
   : ** *** ***** * * * * * * * *
181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGWNHN- DFDGVGDVSL WSFDE

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

```

```

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 43.24 [%]
Weight       : 42

```

【図 3-7】

0046368

```

1 : M-NSFSAFSE MFGSDYESPV SSGDYSPKL ATSCPKKAG RKKFRETRHP IYRGVRQRNS
   * * * * *
1 : MENDDITVAE M-----KPKKRAG RRIFKETRHP IYRGVRRDQ

60 : GKWVCELREP NKKTRIWLGT FQTAEMAARA HDVAALALRG RSACLNFAAS AWRLRIPEST
   ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
39 : DKWVCEVREP IHQRRVWLGT YPTADMAARA HDVAVALALRG RSACLNFAAS AWRLPVPAST

120 : CAKEIQKAAA EALNFQDEM CHMTTDAHGL DMEETLVEAI YYPEQSQDAF YMDEEAMLGM
   * * * * *
99 : DPTIRRTAA EAA---EM FRPPEFSTG-----ITVLPASEF DTSDEGVAGM

180 : SSLDNMAEG MLLPSPSVQW MYNFDVEGD---DDVSLW SY
   * * * * *
143 : MWRL---AEE PLMSPPRSYI DMNTSVYVDE EMCYEDLSLW SY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1C.aa
Size            : 216
Matching Position : 1 - 216

Sequence 2      : DREB1F.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#Nt          : 2

Matching      : 41.88 [%]
Weight       : 52

```

```

1 : MNSFSAFSEM FGSDYESPV SSGDYSPKLA TSCPKKPAGR KKFRETRHPI YRGVRQRNSG
   ** * * * *
1 : MN-----NDDIILA ENRPKKRAGR RVFKETRHPV YRGIRRRNGD

61 : KKWVCELREP NKKTRIWLGT FQTAEMAARA HDVAALALRG RSACLNFAAS AWRLRIPESTC
   ***** ** ***** ** ***** ** ***** **
40 : KKWVCEVREP IHQRRVWLGT YPTADMAARA HDVAVALALRG RSACLNFAAS AWRLPVPASTND

121 : AKEIQKAAA EALNF--QDE MCHMT---TDAHGLDMEETLVEAIYYPE--QSQDAFYM
   * * * * *
100 : PDVIRRVAAE AAEWFRPVDL ESGITVLPCA GDDVDLGFGS GSGSGSGSEE RNSSSYGFGD

172 : DEEAMLGMS LLDNMAEGML LPSP-----SVQWNYNFD VEGDDVSLW S--Y
   ** * * * *
160 : YEEVSTTMMR L---AEGPL MSPPRSVMED MTPTNVYTEE EMCYEDMSLW SYRY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB1D.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

Sequence 2      : DREB1E.aa
Size            : 181
Matching Position : 1 - 181

```

Matching Condition.

【図 3-8】

0046368

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht         : 2

Matching     : 42.17 [%]
Weight      : 50

1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDSSECSK KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : MENDDIT-----VAEMKPKKR AGRRIFKETR HPIYRGVRRR

61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
    * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
37 : DGDKWVCEVR EPIHQRRVWL GTYPTADMAA RAHDVAVLAL RGRSACLNFS DSAWRLPVPA

121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTTEGSKTA AEAEAAAGEG VREGERRAE QNGGVFYMD
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
97 : STDPDTIRRT AAEAAEMF-----RPPEFSTGIT V---LPSASE -----FDTSD

181 : EALLGMPNFF ENMAEGMLLP PPEVGWNNND FDGV-----GDVSLWSFDE
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
137 : EGVAGM---M MRLAEPLMS PPRSVIDMNT SVYVDEEMCY EDLSLWS--Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREBID.aa
Size            : 224
Matching Position : 1 - 224

Sequence 2      : DREBIF.aa
Size            : 209
Matching Position : 1 - 209

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht         : 2

Matching     : 42.13 [%]
Weight      : 49

```

```

1 : MNPFYSTFPD SFLSISDHRV PVSDSSECSK KLASSCPKKR AGRKKFRETR HPIYRGVRQR
  ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : MN-----NDDI ILAEMRPKKR AGRRVFKETR HPVYRGIRRR

61 : NSGKWVCEVR EPNKKSRIWL GTFPTVEMAA RAHDVAALAL RGRSACLNFA DSAWRLRIPE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
37 : NGDKWVCEVR EPTHQRRVWL GTYPTADMAA RAHDVAVLAL RGRSACLNFA DSAWRLPVPE

121 : TTCPKETQKA ASEAAAFQN ETTTEG--SK TAAAEAAAG EGVREG-ERR AEEQNGGVFY
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
97 : SNOPDVIRRV AAEAAEMFRP VDLESGITVL PCAGDDVDLG FGSGSGSGSG SEERNSSSYG

178 : MDDEALLCMP NFFENBAEGM LLPPP---E VGWNNH---DFDGVGDVSL WSFDE
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
157 : FGD--YEEVS TTMMRLAEGP LMSPPRSYME DMTPTNVYTE EEMCYEDMSL WSYRY

```

+++++

【図 3-9】

0046368

Sequence 1 : DREB1E.aa
 Size : 181
 Matching Position : 1 - 181

Sequence 2 : DREB1F.aa
 Size : 209
 Matching Position : 1 - 209

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2

Matching : 69.38 [%]
 Weight : -71

```

1 : MENDDITVAE MKPKKRAGRR IFKETRHPYI RGVRRRDGDK WYCEVREPIH QRRVWLGTYP
  * *** ** * ***** ***** * ** *** ** ***** * *** *****
1 : MNNDIILAE MRPKKRAGRR VFKETRHPVY RGIRRRNGDK WYCEVREPTH QRRVWLGTYP

61 : TADMAARAND VAVLALGRS ACLNFSDSAW RLPVPASTDP DTIRRTAAEA AEMFRPPEFS
  ***** ***** ***** **** ***** * ** * *** **** *****
61 : TADMAARAND VAVLALGRS ACLNFADSAW RLPVPESNDP DVIRRVAAEA AEMFRPYDLE

121 : TGITVLP--- -----SASEFD TS-----D EGVAGMMRL AEEPLMSPPR
  ***** * ** * * * **** ** *****
121 : SGITVLPAG DDVDLGFGSG SGSGSGSEER NSSSYGFGDY EEVSTTMRL AEGPLMSPPR

157 : SY-IDM-NTS VYVEEMCYE DLSLWS--Y
  ** ** * ** ***** * **** *
181 : SYMEDMTPTN VYTEEMCYE DMSLWSYRY

```

【図 4-1】

-0010181

+++++

Sequence 1 : DREB2A.nuc
Size : 1008
Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2B.nuc
Size : 993
Matching Position : 1 - 993

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 63.40 [%]
Weight : -222

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCGAGGAAA
**** ** * **** ** * ** *** ** ** *** ****
1 : ATGGCTGTAT ATCAACAAAC CGG----- AACCGAGCA- ----- GCCGAAGAAA

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAAA GAGATCGAAA
***** ** * **** * *** ** ***** * ** **** ** *****
43 : AGGAAATCTA GGGCTCGAGC AGGTGGTTTA ACGGTGGCTG ATAGGCTAAA GAAATCGAAA

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AG-----AAGT TTCTACCAAG AAGA----- ----GAAA
**** ** * **** ** * ** * * * *** ** * * * ***
103 : GAGTACAACG AGATTGTTGA AGCTTCGGCT GTTAAAGAAG GAGAGAAACC GAAACGCAAA

166 : GTACCTGCCA AAGGGTCGAA GAAGGGTTGT ATGAAAGGTA AAGGAGGACC AGAGAATAGC
** ***** **** ***** **** ***** ***** **** **
163 : GTTCTGCCA AAGGGTCGAA GAAAGTTGT ATGAAAGGTA AAGGAGGACC AGATAATTCT

226 : CGATGTAGTT TCAGAGGAGT TAGGCAAAGG ATTTGGGGTA AATGGGTTGC TGAGATCAGA
* ***** * ***** **** ***** ***** ***** **** **
223 : CACTGTAGTT TTAGAGGAGT TAGACAAAGG ATTTGGGGTA AATGGGTTGC AGAGATTCSA

286 : GAGCCTAATC GAGGTAGCAG GCTTTGGCTT GGTACTTTCC CTACTGCTCA AGAAGCTGCT
** ** ** *** * ** ***** ***** * **** * * *****
283 : GAACCGAAAA TAGGAAGTAG ACTTTGGCTT GGTACTTTTC CTACCGCGGA AAAAGCTGCT

346 : TCTGCTTATG ATGAGGCTGC TAAAGCTATG TATGGTCCIT TGGCTCGTCT TAATTTCCCT
** ***** **** ** ** * ***** ** ** * * ***** ****
343 : TCCGCTTATG ATGAAGCGGC TACGCTATG TACGGTTCAT TGGCTCGTCT TAATTTCCCT

406 : CCGTCTGATG CGTCTGAGT TACGAGTACC TCAAGTCAGT CTGAGGTGTG TACTGTTGAG
* **** ** ***** * *** ***** ** ***** * ***** ****
403 : CAGTCTGTTG GGTCTGAGT TACTAGTACG TCTAGTCAAT CTGAGGTGTG TACGTTGAA

466 : A----- ---CTCCTGG TTGTGTTTCT GTGAAAACAG AGGATCCAGA TTGTGAATCT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
463 : AATAAGCGCG TTGTTTGTGG TGATGTTTGT GTGAAGCATG AAGATACTGA TTGTGAATCT

514 : AAACCCCTT--- CTCGG---GT GGA---GTGGA GCCGATGTAT TGT----- ---CTGGAGAA
** ** ** * * * * * * * * * * * * * * * * *
523 : AATCCATTTA GTCAGATTTT AGATGTTAGA GAAGA-CTCT TGTGGAACCA GCGCGGACAG

558 : TGGTGGCGG-A AGAGATGAAG AGAGGTGTT- AAAGC-GGAT AAGCATTGCG TGAGCGAGTT
* * *** ** ** *** * * * * * * * * * * *

```

【図 4-2】

-0010181

```

582 : TTGCACGGTT GCACATCAAG ATATGAATTC TTCGCTGAAT TACGATTTCG TGTTAGAGTT

615 : TGAACATAAC TATTGGAGTG ATATTCTGAA AGAGAAAGAG AAACAGAAGG AGCAAGGGAT
    *** ** * ***** * * ** ** * ***** **** **** ** ** *
642 : TGAGCAGCAG TATTGGGGCC AAGTTTTCGA GGAGAAAGAG AAACCGAAGC AGGAA-GAAG

675 : TGTAGAAAC- CTGTCAGCAA CAACAGCAGG ATTCGCTATC TGTTCAGAC TATGGTTGGC
    * *** ** ***** ** * *** * ** * * **** ** * ** *
701 : AGGAGATACA GCAACAGCAA CAGGAACAGC AACAGC-AAC AGCTGCA-AC -CGGATTTC

734 : CCAATGATGT GGATCAGAGT -CACTTGGG TTCTTCAGAC ATGTTTGATG TCGATGAG-C
    * ** * * ** * ** ***** ** ** * ** * ** * ** *
758 : TTAATGTTGC AGATTACGGT TGGCCTTGG- -TCTAATGAT ATTGTAAAT- -GATCAGAC

791 : TTCTACGTGA CCTAA--ATG GCGACGATGT GTTTCAGGC TTAAATCAGG ACCGGTACCC
    ***** * ***** * ** *** * ** * * * * *
813 : TTCTTGGGAT CCTAATGAGT GCTTTGATAT TAATGAATC CT--TGGAG ATTTGAA--

849 : GGGGAACAGT GTTGCCACG GTTCATACAG GCCCGAGAGT CAACAAAGTG GTTTGATCC
    ***** ** ** * * * ** * ** * * ** * ** *
867 : --TGAACCTG GTCCCATCA G--AGCCAA GACCAA---- -AACACGTA AAT--TCT

909 : GCTACAAAGC CTCAACTACG GAATACCTCC GTTTCAGCTC GAGCGAAAGG ATGGTAATGG
    * * * * * * ** * * * ** * **** ** * * * **** *
913 : GGT----- -AGTTATG ATTTGCATCC GCTTCATCTC GAGCCACAGC ATGGTCACG-

969 : ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
    *** * * ***** *** ** * *
962 : --AGTTCAAT GGTTCAGTT -----CTCT GGATATTTGA
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008
  
```

```

Sequence 2      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026
  
```

Matching Condition.

```

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
*NT             : 2

Matching        : 55.22 [%]
Weight          : -8
  
```

```

1 : ATGGCAGITT ATGATCAGAG TGGAGATAG- AAACAGAACA CAAATTGATA CATCGAGGAA
   ** ** ** ***** * **** * ** ** ****
1 : AT-GCCGT-- ----- CCGAGATTGT TGACAGGAA- -AAG-GAAG TCTCGTGGAA

60 : AAGGAAATCT AGAAGTAGAG GTGACGGTAC TACTGTGGCT GAGAGATTAA ACAGATGGAA
    * ** * * ** * ** * * * * * * * * ****
44 : CACGAGATGT AGCTG-AGAT TCTAAGGCAA TGGAGAGAGT ---ACAATGA GCAGATTGAG

120 : AGAGTATAAC GAGACCGTAG AAGAAGTTTC TACCAAGAAG AGGAAAG-TA CCTGCCAAAG
    ** ** * * ** * * * ** * * * **** *** * ****
100 : GCAGAATCTT G-TATCGATG GTGGTG-GTC CAAATCAAT CCGAAAGCCT CCTCCAAAG
  
```

【図 4-3】

0010181

```

179 : GGTGAAGAA GGGTTGTATG AAAGGTAAAG GAGGACCAGA GAATAGCCGA TGTAGTTTCA
    * **** * * **** * **** * * **** * * *
158 : GTTCGAGGAA GGGTTGTATG AAAGGTAAAG GTGGACCTGA AAACGGGATT TGTACTATA

239 : GAGGAGTTAG GCAAAGGATT TGGGTAAAT GGGTTGCTGA GATCAGAGAG CCTAATCCAG
    **** * * **** * **** * * **** * * *
218 : GAGGAGTTAG ACAGAGGAGA TGGGTAAAT GGGTTGCTGA GATCCGTGAG CCAGACGGAG

299 : GTAGCAGGCT TTGGCTTGGT ACTTCCCTA CTGCTCAAGA AGCTGCTTCT GCTTATGATG
    * * * * * **** * * * * * * * * * *
278 : GTGCTAGGTT GTGGCTCGGT ACTTCTCCA GTTCATATGA AGCTGCATTG GCTTATGACG

359 : AGGCTGCTAA AGCTATGTAT GGTCCITTGG CTCGTCTTAA T-TTCCC---TC
    **** * * * **** * * * * * * * * *
338 : AGGCGGCCAA AGCTATATAT GGTCACTCTG CCAGACTCAA TCTTCCCGAG ATCACAATC

407 : GGTCTGATGC GTCTGAGG---TTACGAGTA CCTCAAG-TC AGTCTGAGGT GTGACTGTT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
398 : GCTCTTCTTC GACTGCTGCC ACTGCCACTG TGTGAGGCTC GGT-TACTGC ATTTTCTGAT

463 : GAGACTCCTG GTTGTGTTCA TGTGAAAACA GAGG---ATC CAGATTGTGA ATCTAAACCC
    * * * * * * * * * * * * * * *
457 : GAATCTGAAG TTGTGCACG TGAGGATACA AATGCAAGTT CAGGTTTTC- GTC---AGGT

520 : TTCTCCGGTG GAGTGGAGCC GATG---TATT GTCTGGAGAA TGGTCCGAA GAGATGAAGA
    * * * * * * * * * * * * * * *
513 : GAAACTAGAG GATTGTAG-C GATGAATATG TTCTCTTAGA TAGTCTCAG TGTATTAA-A

578 : GAGGTGTTAA AGCGGATAAG CATTGGCTGA GCGAGTTTGA ACATAACTAT TGGAGTGATA
    **** * * * * * * * * * * * * *
571 : GAGGAGCTGA A-AGGAAAAG -AGGAAGTGA GGGA---AGA ACATAACT-T GGCTGTTGGT

638 : TTCTGAAAGA GAAAGAGAAA CAGAAGGAGC AAGGGATTGT AGAAACCTG-TCAGCAACA
    * * * * * * * * * * * * * *
625 : TTTGGAAATG GACAG-GACT C-GAAAAGG- -GAGACTTT GGATGCTTGG TTGATGGGAA

696 : ACAGCAGGAT TCGCTATCTG TTGCAGACTA TGGT-TGGCC CAA---TG ATGTGGATCA
    * * * * * * * * * * * * *
680 : ATGCAATGA ACAAGAACA TTG-GAGTT TGGTGTGGAT GAAACGTTTG ATATTAAT--

750 : GAGTCACTTG GATTCTTCA- -GACATCTTT GATGTGGATG AGCTTCTACG TGACCTAAAT
    *** * * * * * * * * * * * *
736 : GAGCTATTGG GTATATTAAG CGACAACAAT G-TGTC--TG ---GTC-AAG AGAC---AAT

808 : GGCG-ACGAT GTGTTTGAG GCTTAAATCA GGACCGGTAC CCGGGGAACA GTGTTGCCAA
    * * * * * * * * * * * * *
786 : GCAGTATCAA GTGATAGAC ACCCAAAT- -TTCAGTTAC C---AAACG CAGTTTCCAA

867 : CGGTCATAC AGGCCCCAGA G-TCAACAA AGTGGTTTTG ATCCGCTACA AAGCCTCAAC
    *** * * * * * * * * * *
839 : --ATTCTAAC TTGCTCGGGA GCCTCAACCC TATGGAGAT- -TGCTCAACC AGGAGTTGAT

925 : TACCGAATAC CTCCGTTTCA GCTC---GA- -GGGAAAGG ATGGTAATGG ATT-----
    * * * * * * * * * * *
895 : TATCGATGTC CTTATGTGCA GCCCAGTGAT ATGGAGAACT ATGGTATTGA TTTAGACCAT

972 : ---CTTGG ACGA-CTTGA GTT---AC TTGGATCT- -GGAGA- ---
    *** * * * * * * * * *
955 : CGCAGGTTCA ATGATCTTGA CATACAGGAC TTGGATTTTG CAGGAGACAA AGATGTTTCA

```

```

1004 : -----AC-T AA
              ** * **
1015 : GGATCTACAT AA

```

-0010181

+++++

```
Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008
```

```

Sequence 2      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

Matching Condition.

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
#Ht	:	2

Matching : 44.17 [%]
Weight : 226

出証特 2 0 0 4 - 3 0 2 1 2 3 4

【図 4-5】

0010181

```

598 : CATTGGCTGA GCGAGTTTGA ACATAACTAT TGGAGTGATA TTCTGAAAGA GAAAGAGAAA
    ** ** * **** * ***      * * ***      *** * ** ****
375 : CA--GC--A GCGACTCTGA -----GT GCGCGTG-- TTC--ATC CAACGAGA--

658 : CAGAAGGAGC AAGGGATTGT AGAAACCTGT CAGCAACAAC AGCAGGATTC GCTATCTGTT
    * * *      *** *** **      ** ** **** * ****
413 : --TGTCATC A-----TGT GGAAGAGTG- -----AC AG-AGGA-- GATATC--

718 : GCAGACTATG GTTGGCCCAA TGATGTGGAT CAGAGTCACT TGGATTCTTC AGACATGTTT
    *** *** ** * ** ***** * * *      *
447 : ----- --ATG-GGAG CATATAAACG TGGATT-TGC CG-----GT

778 : GATGTCGATG AGCTTCTACG TGACCTAAAT GCGCAGCATG TGTTTGCAGG CTAAATCAG
    *** **** * ****      * * ** ** ** *      * * ** ***
477 : AATG--GATG A--TTCT-- --TCAATAT GG--GAAG -----AAG CTACAAT--

838 : GACCGGTACC CGGGGAACAG TGTTGCCAAC GGTTCATACA GGCCCGAGAG TCAACAAAGT
    ** **      ***      ** *** ***** * **      * * *
513 : -GTCGTTA-- --GGA-- --TTTCATG GGTTCATCAA GG----- --AGATAAT

898 : GGTTTTGATC CGTACAAAG CCTCAACTAC GGAATACCTC CGTTTCAGCT CGAGGGAAG
    * * ** ** * *      **** *      **** * *      *
550 : GATATTTCTC GGT----- --TGATACTTG TATTTCCGT -----G

958 : GATGGAATG GATTCTTCGA CGACTTGAG- TTACTTGGAT CTGGAGAAGT AA
    * *      ***** * *** * ** *** **      * *
584 : GCT----- -ATTCT-- --AATTGGA TTCCTTTCAT TCCCACCTT GA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008

```

```

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching      : 49.90 [%]
Weight       : 128

```

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAAT-----T GATACATCGA
    *** *      * ** ***      *** ** ***** * *      * * * ***
1 : ATGCAA--A AGGA--AGAT AACGGATCGA AACAGAGCTC CTCTGCTTCT GTTGTATCCT

56 : GGAAAAGGAA ATCTAGAAGT AGAGGTGACG GTACTACTGT GGCTGAGAGA TTAAGAGAT
    ** ***      *** *** ** * *      * ** ** * ** *** *****
56 : CGAGAAG-- --ACGAAGA AGA-GTG--G TTGAGCCAGT GGAAGCGACG TTACAGAGAT

116 : GGAAAGACTA TAACGAGACC GTAGAAGAAG TTTCTACCAA GA-AGAGGAA AGTACCTGCC
    **      ***      ***** * * * * **      * *      * * **
107 : GG----- --GAG-- --GAAGAAG GAT-TGGCGA GAGCTCGTAG GGTCAAGCC

175 : AAAGGGTCCA AGAAGGGTTG TATGAAAGGT AAAGGAGGAC CAGAGAATAG CCGATGTAGT

```

【図 4-6】

-0010181

```

148 : *****
      AAAGGTTCCA AGAAAGTTG TATGAGAGGA AAAGGTGGAC CAGAGAATCC TGTTTGTCGG
      *****

235 : TTCAGAGGAG TTAGGCAAAG GATTGGGGT AAATGGGTTG CTGAGATCAG AGAGCCTAAT
      ** *****
208 : TTTAGAGGTG TTCGACAAAG GGTGTTGGGG AAATGGGTTG CTGAGATACG TGAACC-----

295 : CGAGGTAGCA GGCTTTGGCT TGGTACTTTC CCTACTGCTC AAGAAGCTGC TTCTGCTTAT
      ** **
264 : --AGTGAG-- --TCACCG TGGTGCAAAC TCTAGT-CGT AGTAAACGGC TTTGGCTTGG

355 : GATG-AGGCT GCTAAAGCTA TGTATGGTCC TTTGGCTCGT CTTAATTTCC CTCGGTCTGA
      * * *** ** ****
315 : CACGTTTGCT ACTGCAGCT- --GAAGCTGC TTTGGCT- -----

414 : TCGGTCTGAG GTTACGAGTA CCTCAAGTCA GTCTGAGGTG TGTACTGTTG AGACTCCTGG
      * * * ** * * * ****
349 : TACGACAGA- GCTGCTAGT- -----GTCA -----TGTAC-----GGAC-CCT--

474 : TTGTGTTTAT GTGAAACAG AGGATCCAGA TTGTGAATCT AAACCCCTTCT CCGGTGGAGT
      ** * **** ** * *** ** **** ** *
383 : -----AT G-----CCAG--GT-----T AAA--TTTC CCGGAAGATT

534 : GGAGCCGATG TATTGCTGAG AGAATGGTGC GGAAGAGATG AAGA-GAGGT GTTAAAGCGG
      * * ** ** *** ***** * * * **** * * *
410 : TGGG-----TG--GG GGA-----GGAAGA-AGG ACCAGGAGGC GGAAGTTGC

593 : ATAAGC-ATT GGCTGAGCGA GTTTGAACAT AAC--TATT GGAGTGATAT TCTGAAAGAG
      * ** *** ** ** * **** * * * ** ****
451 : GGAGGCTATT GGTG--GA AACT-AACAA AGCCGGTAAT GGGGTGAT--TGAACGG

649 : AAAGAGAAAC AGAAGGAGCA AGGGATTGTA GAAACCTGTC AGCAACAACA GCAGGATTCTG
      * * * ** * * **** * **** * * *
503 : AAGGTGAAAG AGA-----CT A-----TCTA G-----TCTACAA--TGAAGAGC

709 : CTATCTGTTG CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGGATC AGAGTCACTT GGATTCTTCA
      ****
539 : CTAT-----TGAGC TTGGCC--AT GA-----C A-AG--ACTC AGAATCCT--

769 : GACATGTTTG ATGTGATGA GCTTCTACGT GACCTAAATG GCGACGATGT GTTTCAGGC
      *** ** ** **** * ** ** *
574 : --ATGACTG AT--AATGA AAT--AGT GAAC-----CCA--GCAG--

829 : TTAATCAGG ACCGGTACCC GGGGAACAGT GTTGCCAAGG GTTCATACAG GCCCGAGAGT
      * **** ** * ** **** * * * **** * *
605 : TGAATCAG--AGGAA--GGTTACAGC TATG-ATCG ATTCAAATTG G-----

889 : CAACAAAGTG GTTTGATCC GCTACAAAGC CTCAACTAGG GAATACCTCC GTTTCAGCTC
      * ** * * ** ** ** * ****
647 : --ATAACGGA TTGTG--TATAA--TGAACCTC--AAAGCTCC AGTT-ATCAC

949 : GAGGGAAGG ATGTAATGG ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
      ***** * *** * * **** * ***
691 : CAGGGA--G GTGG-ATTG ATTG--AT ATTTTGAGTA TTTCAGAT--TCTAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008

```

【図 4-7】

0010181

Sequence 2 : DREB2F.nuc
 Size : 834
 Matching Position : 1 - 834

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2

Matching : 48.48 [%]
 Weight : 158

```

1 : ATGGCAGTIT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCGAGGAAA
    ****                      ****          ***
1 : ATGG-----AGAA-----ATC-----

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAAA GAGATGCAAA
    ***                      ** * ** *** * ****
12 : -----ATC-----CTC A---ATGAAA CA-ATGAA-

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AGAAGTTTCT ACCAAGAAGA GGAAGTACC TCGAAAGGG
    *** * ** ***
33 : -----GAAGGGTCC TGC-----

181 : TCGAAGAAGG GTGTATGAA AGGTAAAGGA GGACCAGAGA ATAGCCGATG TAGTTTCAGA
    ***          **** * * * * * * * * * *
45 : TCG-----GGGTAAAGGC GGTCCACAAA ACGCTCTTG TCAGTACCGT

241 : GGAGTTAGGC AAAGGATTG GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC TAA-TCAGG
    ***** ** ***** ** ***** ***** **
88 : GGAGTCAGGC AAAGGACTTG GGGCAAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC CAAGAAGAGG

300 : TAGC-AGGCT TTGGCTTGGT ACTTTCCTTA CTGCTCAAGA AGCTGCTTCT GCTTATGATG
    ** ** ** ***** ** * * * * * * * * *
148 : --CCAAGACT TTGGCTTGGC TCTTTCGCTA CAGCTGAAGA AGCAGCTATG GCTTATGATG

359 : AGGCTGC-T AAAGCTATGT ATGGTCCTTT GGCTCGTCTT AATTTCCTC GGTCTGATGC
    ***** * * * * * * * * * * ** ** ** * * * * *
206 : AGGCTGCCTT GAAAC-TCT ATGGGCACGA CGCATACCTC AACTTACCTC -ATCTTCAGC

417 : GTCTGAGGT ACAGTACCT CAAGTCAGTC TGAGGTGTGT ACTGT-TGAG ACTCCTGGTT
    * * * * * * * * * * ** ** **** * * * *
263 : G---GAAT ACAAG-ACCT ---TC--TC TGAG---TA ACTCTCAGAG GTTC--AAAT

476 : GTGTTCTATG GAAAACAGAG GATCCAGATT GTGAATCTAA ACCCTTCTCC GGTGCAGTC-
    * * * * * * * * * * * * * * * * * *
305 : GGGTACCT---TCA-AG GA---AGTTT AT---ATCTAT GTTTCCTTCA TGTGGTATGC

535 : GAGCCGATGT ATTGTCTGGA GAATGGTGGG GAAGAGATGA AGAGAGGTGT TAAAGCGGAT
    * * * * * * * * * * * * * * * *
353 : TAAACG-TGA ATGCTC---A GCCTAGTGT CACATAATCC AGCAAAGACT AGAAGAACTC

595 : AAGCATTGGC TGAGCGAGTT TGAACATAA- -CTATTGGAG T-GATATTCT GAAAGAGAAA
    *** * * * * * * * * * * * * * * *
409 : AAGAA-AAC TG---GACTT TTATCTCAAT CCTATTCTTC TAGTCTTCC TCCACCGAAT

652 : GAGAAAC-AG AAGGAGC--A AGGGAT-TGT AGA--AACCT GTCAGCAACA -ACAGCAGCA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
464 : CAAAAACTAA TACTAGCTTT CTTGATGAGA AGACCAGCAA GGGAGAAACA GACAATATG-
  
```

【図 4-8】

-0010181

```

705 : TTCGCTATCT GTTG-CAG- ---ACTATG GTTGGCCCAA TGA-TGTGGA TC-AGAGTCA
      **** * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
523 : TTCG-AAGGT GGTGATCAGA AGAAACCAGA GATCGACC- TGACCGAGTT TCTTCAGCAA

756 : CTTGGATTCT TCAGACATG- -TTTGTATGTC GA-----TG AGCT-TCTAC GTGACCTAAA
      * * * * * * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
580 : CTAGGAATCT TGAAGGATGA AAATGAAGCA GAACCAAGTG AGGTAGCAGA GTGTCATTCC

807 : TGGCGACGAT -GTGTTTGA GGCCTAAATC AGGACCGTA CCCGGGGAAC AGTG-TTGCC
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
640 : CCTCCACCAT GGAACGAGCA AGAAGAAA-C TGA-AGTC CTTTCAGAAC TGAGAATTTC

865 : AACGGTTCAT A-CAGGCCCG AGAGTCAACA AAGTGGTTTT GATCCGCTAC AAAGC-CTC
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
697 : AGCTG-GGAT ACCCTGATCG AGATGCCAAG AAGTG----- AAACCACAAC TATGCAATTT

922 : AACTACGGAA TACCTCCGTT TCAGCT-CGA GGGAAAGGAT GGTAAATGGAT TCTTC--GA
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
751 : GACTCCAGCA -ACTTCGG-- -AAGCTATGA TTTTGAGGAT G---ATGTAT CCTTCCCTTC

978 : CGACTTGAGT TACT-TGGAT CTGGAGAACT AA
      * * * * *      * * * * *      * * * * *
804 : CATCTGGGAC TACTACGGAA GCTTAG-ATT GA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.nuc
Size            : 1008
Matching Position : 1 - 1008

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NI              : 2

Matching          : 47.08 [%]
Weight            : 149

```

```

1 : ATGGCAGTTT ATGATCAGAG TGGAGATAGA AACAGAACAC AAATTGATAC ATCCAGGAAA
    ****
1 : ATGG-----

61 : AGGAAATCTA GAAGTAGAGG TGACGGTACT ACTGTGGCTG AGAGATTAAG GAGATGGAAA
     * * * * *
5 : -----AA G-----AA

121 : GAGTATAACG AGACCGTAGA AGAAGTTTCT ACCAAGAAGA GCAAAGTACC TGCGAAAGGG
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
10 : GAGCA-----ACC-----TCCG GCCAAGAA-A CGAA--ACA TGGGGA--GA

181 : TCGAAGAAGG GTTGTATGAA AGGTAAAGGA GGACCAGAGA ATAGCCGATG TAGTTTCAGA
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
46 : TCTAGAAAAG GTTGCATGAA AGGTAAAGGC GGTCCAGAGA ACGCCACGTG TACTTCCGT

241 : GGAGTTAGGC AAAGGATTG GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCAGAGAGCC TAATCGAGT
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *

```

【図 4-9】

0010181

```

106 : GGAGTTAGGC AACGGACTTG GGGTAAATGG GTGGCTGAGA TCCGTGAGCC TAACCGTGGG
301 : AGCAGGCTTT CGCTTGGTAC TTCCCTACT GCTCAAGAAG CTGCTTCTGC TTATGATGAG
    * * * * *
166 : ACTCGTCTCT GGCTCGGCAC GTTTAATACC TCGGTCGAGG CCGCCATGGC TTACGATGAA
361 : GCTGCTAAAG CTATGTATGG TCCTTTGGCT CGTCTTAATT TCCCTCGGT- CTGATGCGTC
    ** ***** * ***** * ***** ** ** ** *** * *
226 : GCCGCTAAGA AACTCTATGG ACACGAGGCT AAACCTCA-- ---CTGGTG CACCCACAAC
420 : TGAGGTTACG AGTACCTCAA GTCAGTCTGA GGTGTGTACT GTTGAGACTC CTGGTGTGT
    ** ***** * * * * * ** * ** * * * *
281 : AACACAACA AGTA---GTA GTGA-ACAGA AACTTGTCTT TTTCTGGCCA CGGGTCGGGT
480 : TCATG----T GAAAACAGAG GATCCAGATT GTGAAT---C TAAACCT-- TCT---CCGG
    ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * *
337 : TCTTGGGCTT ATAATAAGAA GCTCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG
528 : TGGAGTGGAG C-CGATG-TA TTGTCTGGAG A-ATGCTGCG GAAGAGATCA AGAGAGGTGT
    *** * * * * * *** * * * * * * * * * *
397 : GCAAGTTGTT CACGAGGTTT TTGCTCAGAG AGATCGAGTT TTCTACAAGA AGA-TGATGA
585 : TAAAGCGGAT AAGC-AT-TG GCTGAGCGAG TTTGAACATA ACTATTGGAG TGATATTCTG
    * * * * * * * * * * * * * * * * * *
456 : TCATAGTCAT AATCGATGTT CGTCTTCAAG -TGGTTCGAA TCT-TTGTG -GTTATTACC
643 : AAAGAGAAAG AGAAACAGAA GGAGCAAGGG ATTGTAGA-- ----AACCTG TCA--GCAAC
    ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * * ** * * *
513 : TAA-ACAAAG TGATTCACAA -GATCAAGAG ACCGTTAATG CTACGACTAG TTATGGCGGT
695 : AACAGCAGGA TTCGCTAT-- ----CTGTTG CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGGATC
    * * * * * * * * * * *** * * * * * * * *
571 : GAAGGCGGGT GTGGCTCTAC GTTAACGTTT TCGACCAATT TGAAACCAAA GAATTGATG
749 : AG--AGTCAC TTGGATTCTT CA--GA-- ----CATGT TTGATGT-- -CGATGAGCT
    ** ** * * * * * ** ** * * * * * * *
631 : AGTCAGAATT ATGGATTATA CAATGGAGCT TGGTCTAGGT TTCTTGTGGG GCAAGAAAAG
792 : TCTACGTGAC CT-AAATGGC GACGATGTGT TTGCAGGCTT AAATCAGGAC CGGTACCCGG
    *** ** * * * * * ** * * * * * * * * *
691 : AAGACGGAAC ATGACGTGTC ATCGTCGTGT GGATCGTCGG ACAACAAGGA GAGTATGTTG
851 : GGAAC-AG-T GTTGCCAACG GTTCATACA- GGCCCGAGAG TCAACAAAGT GGTTTTGATC
    * * * * * * * * * * * * * * * * * *
751 : GTTCCTAGTT GCGGCGGAGA GAGGATGCAT AGGCCG-GAG TTGGAAGAGC GAACAGGATA
908 : CGCTACAAAG CCTCAACTAC GGAATACCTC CGTTTCAG-- -CTCGA-GG GAAAGGATGG
    ** * * * * * * * * * * * * * * *
810 : TTTGGAAATG GATGATCTTT TGGAGATTGA TGATTAGGT TTGTTGATTG GCAAAAATGG
963 : -----T AATGGATTCT TCGACGACTT --GAGTTACT TGGATCTGGA GAACTAA
    *** * * * * * ** * * * * * * * * *
870 : AGATTTCAG AATTGCTGTT GTGAAGAGTT TCAACATCCA TGGAATTG- GTTCTGA

```

+++++

Sequence 1 : DREB2A. nuc
 Size : 1008
 Matching Position : 1 - 1008

Sequence 2 : DREB2H. nuc

【図 4-10】

0010181

Size : 534
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 39.41 [%]
Weight : 304

```

1 : ATG-GCAGTT TATGATCAGA GTGGAGATAG AAACAGAACA CAAATTGATA CATCGAGGAA
*** ** * * ** * * * * * * * * * *
1 : ATGCCCAGGA AAGG-GAAGT CTCGTG-----GAACA CGAGATGTAG CTGAGATTCT

60 : AAGGAAATCT AGA-AGTAGA GGTGACGGA TACTGTGGC TGACAGATTA AAGAGATGGA
***** ** * * * * * * * * * *
51 : AAGGAAATGG AGAGAGTACA -ATGA--GCA -GACCGAGGC ----AGATTC TTG-CATCGA

119 : AAGAGTATAA CGAGACCGTA GAAGAAGTTT CTACCAAGAA GAGGAAAGTA CCTGCGAAAG
* * * * * * * * * *
102 : TGGTG-----GTG GTTCAA-----AACCAATCC GA--AAGGCT CCTCCAAAG

179 : GGTGGAAGAA GGTTGTATG AAAGGTAAG GAGGACGAGA GAATAGCCGA TGTAGTTTCA
* * * * * * * * * *
143 : GTTCGAGGAA GGTTGTATG AAAGGTAAG GTGGACCTGA AAATGGGATT TGTGACTATA

239 : GAGGAGTTAG GCAAAGGATT TGGGTAAAT GGGTGTCTGA GATCAGAGAG CCTAATCGAG
***** ** * * * * * * * * * *
203 : GAGGAGTTAG ACAGAGGACA TGGGTAAAT GGGTGTCTGA GATCCGTGAG CCAGGCCGAG

299 : GTAGCAGGCT TTGGCTTGGT ACTTTCCCTA CTGCTCAAGA AGCTGTTCT GCTTATGATG
** * * * * * * * * * *
263 : GTGCTAAGTT ATGGCTCGGT ACTTCTCTA GTTCATATGA AGCTGCATTG GCTTATGATG

359 : AGGCTGCTAA AGCTATGTAT GGTCTTTTGG CTCGTCTTAA TTTCCCTCGG TCTGATCGGT
***** * * * * * * * * * *
323 : AGGCTTCCAA AGCTAT-----TTA-----CGG TC-----AGT

419 : CTGAGGTTAC GAGTACCTCA AGTCAGTCTG AGGTGTGTAC TGTGAGACT CCTGGTTGTG
*** * * * * * * * * *
350 : CTG-----CCG ACTCAATCT-----TCCAC TGCTGCCAC-----TGTG

479 : TTCAATGTAA AACAGAGGAT CCAGATTGTG AATCTAAACC CTTCTCCGT GGAGTGGAGC
* * * * * * * * * *
384 : T-----CAGGCT C--GGTT-----AC-----

539 : CGATGTATTG TCTGGAGAAT GGTGCGGAAG AGATGAAGAG AGGTGTTAAA GCGGATAAGC
** *** * * * * *
398 : ---TGCATTT TCT-----GATGAA-----

599 : ATTGCTGAG CGAGTTTGAA CATAACTATT GGAGTGATAT TCTGAAAGAG AAAGAGAAAC
**** * * * * *
414 : ---TCTGA--AGTTTG-----TGCACGTG A-----

659 : AGAAGGAGCA AGGGAATTGA GAAACCTGTC AGCAACAACA GCAGGATTCC CTATCTGTTG
**** * * *
434 : -----GGAT-----ACAAAT BCA-----

```

【図 4-11】

-0010181

```

719 : CAGACTATGG TTGGCCCAAT GATGTGCATC AGAGTCACCT GGATTCTTCA GACATGTTTG
      *** * *** **          * * ** *** ** **          ****
447 : -AGA-TCTGG TT----- --TTGGTC AGA-TCTCT- ---AACTTC- -----

779 : ATGTCGATGA GCTTCTACGT GACCTAAATG GCGACGATGT GTTTCAGGCG TTAATCAGG
      ***          * * ** *****          **** **
477 : ---TCG--- ---CAT TTCCAAATG ----- --TTAAGTC---

839 : ACCGGTACCC GGGGAACAGT GTTGCCAACG GTTCATACAG GCGCGACAGT CAACAAAGTG
      ***          * * **          * * **          **
500 : ----- --CAAT ---AAC- -TGCAT----- --TG

899 : GTTTTGATCC GCTACAAAGC CTCAACTACG GAATACCTCC GTTTCAGCTC GAGGGAAAGG
      ***          ***          **          ***
514 : GTT----- --AAG----- --TT----- --GGG-----

959 : ATGGTAATGG ATTCTTCGAC GACTTGAGTT ACTTGGATCT GGAGAACTAA
      * ***          ****
525 : ----- --GCGTT----- --ACTAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993

Sequence 2      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
#Nt          : 2

Matching      : 54.32 [%]
Weight       : 12

```

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
  ** ** **          *** * * * * ** ***** ** * * **
1 : AT-GCCGT- ----- CGG-AGATTG TTGAC-AGGA AAAGGAAGTC TCG---TGGA

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGGG AAGAGTACAA CG---AGATT
   ** * * *          ** ** *** * * * * ** ***** * *****
43 : ACACGAGAT- -----GTAGC TGAGATTCTA AGGCAATGGA GAGAGTACAA TGAGCAGATT

118 : GTTGAAGCTT CGGCTGTAA AGAAGGAG- -AGAAACCGA AACGCAAGT TCCTGCCAAA
   * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
97 : GAGGCAGAAT CTGTATCGA TGGTGGTGGT CCAAAATCAA TCCGAAAGCC TCCTCCAAA

175 : GGGTCAAGA AAGCTTGTAT GAAGCGTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
   ** **** * * * ***** ** ***** * * * * * * * * *
157 : GGTTCGAGGA AGGCTTGTAT GAAAGGTAAA GGTGGACCTG AAAACGGGAT TTGTGACTAT

235 : AGAGGAGTTA GACAAAGCAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTCCAGA ACCGAAAATA
   ***** * * * * ***** ***** * * * * * * * * *
217 : AGAGGAGTTA GACAGAGGAG ATGGGGTAAA TGGGTTGCTG AGATCCGTGA GCCAGACGGA

295 : GGAAGTAGAC TTTGGCTTGG TACTTTTCCT ACCGCGGAAA AAGCTGCTTC CGCTTATGAT

```

【図 4-12】

-0010181

```

277 : ** **** * **** ** ***** * * * * **** * ****
      GGTGCTAGGT TGTGGCTCGG TACTTTCTCC AGTTCATATG AAGCTGCATT GGCTTATGAC

355 : GAAGCGGCTA CCGCTATGTA CGGTTTATTG GCTCGTCTTA A-CTTCCC--TCA----
      ** **** * **** ** *** * ** * ** * **** **
337 : GAGGCGGCCA AAGCTATATA TGGTCAGTCT GCCAGACTCA ATCTTCCCGA GATCACAAAT

405 : -----GTCTG-----TT GGGTCTG--- AGTTTACTAG TACGTCTAGT
      * *** * * *** * * **** * **
397 : CGCTCTTCTT CCACTGCTGC CACTGCCACT GTGTCAGGCT CGGTTACTGC ATTTTCTGAT

439 : CAATCTGAGG TGTGTACGGT TGAATAAAG GCGGTTGTTT GTGGTGATGT TTGTGTGAAG
      **** * * ** * *** ** * ** ** * ** *
457 : GAATCTGAAG TTTGTGCACG TGAGGATACA AATGCAAGTT CAGGTTTGG TCAGGTGAAA

499 : CATGAAGATA CTGATTGTGA ATCTAATCCA TT---TAG--TCAG---AT TTTAGA---
      * ** *** * *** ** * ** ** *** ** * **
517 : CTAGAGGATT GTAGCGATGA ATATGTTCTC TTAGATAGTT CTCAGTGTAT TAAAGAGGAG

546 : -TGTTA-GAG AAGA-GTCTT GTG---GAA CCAGGCCGGA CAGTTC-CA CGG---TTGGA
      ** * ** **** * * * ** * * * **** ** ****
577 : CTGAAGGAA AAGAGGAAGT GAGGGAAGAA CATAACTTGG CTGTTGTTT TGAATTTGA

595 : CA---TCAA GATATGAATT CTTGCTGAA TTACGATTG CTGTTA---G AGTTTGAGC-
      ** ** * * * * ** ** * ** ** * * ** *
637 : CAGGACTCGA -AAGGAGGA CTT---TGGA TGTGTTGTTG ATGGGAATG GCAATGAACA

647 : AGCAGTATTG GGGCCAAGTT TTGCAGGAGA AAGAGAAACC GAAGCAGGAA GAAGAGGAGA
      ** * **** * * * ** * **** * ** ** *
693 : AGAACCATTG GAG-TTTGT GTGGATGAAA CGTTTGATAT TAATGAGCTA -TTGGGTATA

707 : TACAGCAACA GCAACAGGAA CAG-CAACAG -CAA-CAGC TGCAACCGGA TTGCTTACT
      * * * ** *** * * * **** ** *** ** * **
751 : TTAAAGGACA ACAATGTCTC TGGTCAAGAG ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGAC-AC-

763 : GTTGCAGATT ACGGTTGGCC TTGGTCTAAT G-ATATTGTA AATGATCAGA CTT-CTTGG
      * **** * ** * * * * ** * ** * **** **
808 : ---CCAAAT TCAGTT---ACCAAAC GCAGTTTCCA AAT-TCTAA CTGCTCGGG

821 : ATCCTAATGA GTGCTTTGAT ATTAATGAAC TCCTTGGAGA TTTGAATGAA CCTGGTCCCC
      * **** * * ** **** * * * **** ** * ****
856 : AGCCTCA--A CCCTATGGAG ATTGCTCAA--CCAGGAG--TTG-ATTAT GGATGTCCTT

881 : ATCAGAGCCA AGACAAAAC CACGTA-AAT TCTGGTAGTT ATGATTGCA T--CCGCTC
      ** * ** ** *** * * * * **** * ** ** * *
908 : AT-GTGC--AGCCAGTGA TATGGAGAAC TATGGTATG ATTTAGACCA TCCAGGTTT

938 : ----ATCTG AGCCACAGCA --TGG--TCA CGAG--TTCA ATGTTTGAG TTCTCTGGA-
      **** * * *** ** *** * ** * * * * ****
964 : AATGATCTTG ACATACAGGA CTTGGATTTT GGAGGAGACA AAGAT---G TTC-ATGGAT

987 : -TATTGA
      ** *
1019 : CTACATAA

```

+++++

```

Sequence 1 : DREB2B.nuc
Size : 993
Matching Position : 1 - 993

```


【図 4-13】

0010181

Sequence 2 : DREB2D.nuc
 Size : 621
 Matching Position : 1 - 621

Matching Condition.

Matches	: -1
Mismatches	: 1
Gaps	: 1
#Nt	: 2
Matching	: 43.12 [%]
Weight	: 231

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
   *** *      * * * * * *** *      * **** **
1 : ATGTC-----ATC C--ATAGAG C-----CA AAAGTAA-----

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGA AAGAGTACAA CGAGATTGTT
    * ***** *** ** * ** ***** **** *** * **
26 : -TGATGGTT -GGT-GC TAAT-----AAGAA-----ACAA CGA-ACCGTC

121 : GAAGCTTCGG CTGTTAAAGA AGGAGAGAAA CCGAAACGCA AAGTTCCTGC GAAAGGCTCG
     ***** *** ****
61 : CAAGCT-----AGT-----TCG

181 : AAGAAAGGTT GTATGAAGGG TAAAGGAGGA CCAGATAATT CTCACTGTAG TTTTAGAGGA
   * ***** ** ***** ** ***** * ** * ** * **
73 : AGGAAAGGTT GTATGAGAGG AAGAGGTGA CCCGATAACG CGTCTTGAC TTACAAGGT

241 : GTTAGACAAA GGATTGGGG TAAATGGGTT GCACAGATTC GAGAACCGAA AATAGGAAT
   ***** * * ***** ***** ** ***** * ** ** ** ***** **
133 : GTTAGACAAAC GCATTGGGG CAATGGGTC GCTGAGATCC GCGAGCCTAA CCGAGGAGCT

301 : AGACTTTGGC TTGGTACTTT TCCTACCGCG GAAAAAGCTG CTTCGCTTA TGATGAAGCG
   * ***** * ***** ** *** * ***** * * ***** *** **
193 : CGTCTTTGGC TCGGTACCTT CGACACCTCC CGTGAAGCTG CCTTGGCTTA TGACTCCGCA

361 : GCTACCGCTA TGTACGGTTC ATTGGCTCGT CTAACTTCC CTCAGTCTGT TGGGTCTGAG
   *** * ** ** * ***** * ** *** ** ** ***** * * * **
253 : GCTCGTAAGC TCTATGGGCC TGAGGCTCAT CTCACCTCC CTGAGTC-CT TAAG--AAG

421 : TT-TACTAGT ACGTCTAGTC AATCTGAGGT GTGTACGGTT GAAAATAAGG CGGTTGTTG
   ** *** *** * *** *** ** ** * * * * * * * *
309 : TTACCCTAAA ACGGC-GTC -GTCTCCGGC GTCCGAGACT -ACACCAAG CAGCAACAC

480 : TGGTCATGTT TGTGTGAAGC ATGAAGATAC TGATTGTGAA TCTAATCCAT -TTAGTCAGA
   * ** ***** * * ** ** * ** ** ** ** ** ** ** ** * ** *
364 : GGTGGAAA-- --AAGC A-GCAG-- CGACTCTGAG TC--GCCGT GTTCATCCAA

539 : TTTAGATGT TAGAGAAGAG TCTTGTGGAA CCAGGCCGGA CAGTTGCAGG GTTGGACATC
   ***** * ** ***** * ** *** * * ** ***
408 : -CGAGATGT CA-----TCATGTGGAA -GAGTGA CAG--AG G-AGATATC

599 : AAGATATGAA TTCTTCGCTG AATTACGATT TGCTGTTAGA GTTTGAGCAG CAGTATTGGG
   * * * * * * ** **** *** * ** * ** * * **
447 : ATGGGA-GCA T-----ATA AACGTGGATT TGCCGTAAT GGATG-----ATTCTT---

659 : GCCAAGTTTT GCAGGAGAAA GAGAAACCGA AGCAGGAAGA AGAGGAGATA CAGCAACAGC
   *** * * * *****
491 : -CAA--TAT G-----GGAAGA-----
  
```

【図 4-14】

0010181

```

719 : AACAGGAACA GCAACAGCAA CAGCTGCAAC CGGATTGCT TACTGTTGCA GATTACGGTT
504 : -----AGCTACAA-----TGTCG---TTA-GGAT
      **** *
779 : GGCCTTGGTC TAATGATATT GTAAATGATC AGACTTCTTG GGATCCTAAT GAGTGCCTTG
      ** *** * **** * * * * * * * * * *
524 : TTCCATGGGT TCATGA--A GGAGATAATG ATATTCTCG G-----TTTG
      ****
839 : ATATTAATGA ACTCCTTGGA GATTTGAATG AACCTGGTCC CCATCAGAGC CAAGACCAAA
      *** **** *** * *
566 : ATA-----CTTG--TATTT---CCGG-----
899 : ACCACGTAA TTCTGGTAGT TATGATTTC ATCCGCTTCA TCTCGAGCCA CACGATGGTC
      *** * * * * * * * * * *
582 : -----TGCTAT TCTAATTGGG ATTCCTTCA T-TC-CC-----C
      ****
959 : ACGAGTTCAA TGGTTTGAGT TCTCTGGATA TTTGA
      ** *****
615 : AC-----TTTGA

```

+++++

Sequence 1 : DREB2B.nuc
 Size : 993
 Matching Position : 1 - 993

Sequence 2 : DREB2E.nuc
 Size : 735
 Matching Position : 1 - 735

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*Ht          : 2
Matching     : 49.22 [%]
Weight       : 140

```

```

1 : ATGG---CTG TATATGAACA AACCGGAACC GAGCAGCCGA AGAAAGGAA ATCTAGGGCT
   **** * * * * * * * * * *
1 : ATGGAAGAGG AAGAT-AACG GATCGAAACA GAGC-TCCTC TGCTTCTG--TTGTA-TCCT
   **** * * * * * * * * * *
58 : CGAGCAGGTG GTTTAACGGT GGCTGATAGG CTAAGAAGT GAAAAGAGTA CAACGAGATT
   **** * * * * * * * * * *
56 : CGAG-AAGAC GAAGAAGAGT GGTGA--G C---CAGT GGA-----AGCGACGT
   **** * * * * * * * * * *
118 : GTTGAAGCTT CGGCTGTTAA AGAAGGA---GAGAAACCGA AACGCAAAGT TCCTGCGAAA
   ** * * * * * * * * * *
99 : ACAGA--CAT GGGAGG--A AGAAGGATTG GCGAGAGC--TCGTAGGT TCAAGCCAAA
   **** * * * * * * * * * *
175 : GGGTCGAAGA AAGTTGTAT GAAGGGTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
   ** * * * * * * * * * *
151 : GGTTCGAAGA AAGTTGTAT GAGAGGAAAA GGTGGACCAG AGAATCCTGT TTGTCGGTTT
   **** * * * * * * * * * *
235 : AGAGGAGTTA GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTGAGAG ACC-----
   ***** * * * * * * * * * *
211 : AGAGGTGTTT GACAAAGGAT TTGGGGGAAA TGGGTTGCTG AGATACGTGA ACCAGTGAGT
   ***** * * * * * * * * * *
288 : -----G AAAA---TAG --GAACTA--GACTTTGGC TTGTACTTT TCCTACCGCG
      * *** * * * * * * * * *

```

【図 4-15】

0010181

```

271 : CACCGTGGTG CAAACTCTAG TCGTAGTAA CCGCTTTGGC TTGGCAGGT TGCTACTGCA
331 : GAAAAAGCTG CTTCCGCTTA TGATGAAGCG GCTACCGCTA TGTACGGTTC ATTGGCTCGT
      * **** * * * * * * * * * * * * * * * *
331 : GCTGAAGCTG CTTTGGCTTA CGACAGAGCT GCTAGTGTCA TGTACGGACC CTATGCCAGG

391 : CTAACTTCC CTCAGTCTGT TGGGTCTGAG TTTACTAGTA CGTCTAGTCA ATCTGAGGTG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
391 : TTAAATTTC CGGAAGAT-T TGGGTGGGGG ----AAGGA ----AG-A A-----

451 : TGTACGGTG AAAATAAGGC CGTTGTTTGT GGTGATGTTT GTGTGAAGCA TGAAGATACT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
429 : -GGACG---- -AGGAGGC GG----- -AAAGTT- -----CG GGAGCCTATT

511 : GATTGTGAAT CTAATCCATT TAGTCAGATT TTAGATGTTA GAGAAGATC TTGTGGAACC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
461 : GGTG-GAAA CTAA-CA- AAGCCGG- -TA-ATG- ----GCGTG AT-TGAAA-

571 : AGGCCGGACA GTTGCACGGT TGGACATCAA GA-TATGAAT TCTTCGCTGA ATTACGATTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
500 : -CGGA- ----AGG TGA-AAA GACTATGTAG TCTAC----A ATGAAGA-C

630 : GCTGTTAGAG TTTAGCAGC AGTATTGGGG CCAAGTTTGT CAGGAGAAAG AGAAACCGAA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
538 : GCT----- ATTGAGC- ---TT-GG CCA-----TG -ACAAGACTC AGAATCCTAT

690 : GCAGGAAGAA GAGCAGATAC AGCAACAGCA ACAGGAACAG CAACAGCAAC AGCTGCAACC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
576 : G----- -ACTGATAA TGAATAG- -TGAAC- -CCAGCA- -GTGAAATC

750 : GGATTGCTT ACTGTTGCAG ATTACGGTTG GCCTTGGTCT AATGATATTG TAAATGATCA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
612 : AGA----- -GGAAG GTTACAG- -----CT -----ATGATC-

810 : GACTTCTTGG GATCCTAATG AGTGCTTTGA TATTAATGAA CTCCTGGAG ATTTGAATGA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
635 : ----- GATTCAAA- ---TTGGA T-----AA CGGATTGTG -TATAATGA

870 : ACCTGGTCCC CATCAGAGCC AAGACCAAAA CCACGTAAT TCTGTAAGT ATGATTTCGA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
669 : ACCT----- -CAAA- -----GC-

930 : TCCGCTTCAT CTCGAGCCAC ACCATGGTCA CGAGTTCAAT GGTTTGAGTT CTCTGGATAT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
679 : TCCAGTT-AT CACCAGGGA- -GGTGGATT CGA-TTC-AT ATTTGAGTA TTTCAGAT-T

990 : TTGA
      *
732 : CTAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993

```

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

```

Matching Condition.

【図 4-16】

0010181

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
#Nt	:	2
Matching	:	48.46 [%]
Weight	:	138


```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGCCTCGA
    ****                      *** **   ***   ***
1 : ATGG-----AGAA--TCATC-----CTC--

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGA AAGAGTACAA CGAGATTGTT
    ****                      ****
18 : -----A ATGAA-----ACAA-----

121 : GAAGCTTCGG CTGTTAAAGA AGGAGAGAAA CCGAAACGCA AAGTTCCTGC GAAAGGGTCG
    ** ** **   ****   ****   ****   ****   ****
28 : -----TG-----GA AG-----A AGGTCCTGC-----TCG

181 : AAGAAAGGTT GTATGAAGGG TAAAGGAGGA CCAGATAATT CTCAGTGTAG TTTTAGAGGA
    ****   ****   ****   ****   ****   ****   ****
48 : -----GGG TAAAGGCGGT CCAGAAAACG CTCTTTGTCA GTACCGTGA

241 : GTTAGACAAA GGATTGGGG TAAATGGGTT GCAGAGATTC GAGAACCGAA -AATAGGAAC
    ** ** **   ****   ****   ****   ****   ****   ****
91 : GTCAGGCAAA GGACTGGGG CAAATGGGTG GCTGAGATCA GAGAGCCCAA GAAGAGG-GC

300 : TAGACTTTGG CTGGTACTT TTCCTACCGC GAAAAAGCT GCTTCGCTT ATGATGAAGC
    ****   ****   ****   ****   ****   ****   ****
150 : AAGACTTTGG CTGGCTCTT TCGCTACAGC TGAAGAAGCA GCTATGCTT ATGATGAGGC

360 : GGCTACCGCT ATGTACGGT CATTGGCTCG TCTTAAGTTC CCTCAGTCTG TTGGGTCTGA
    **   ** **   **   **   ****   ****   ****
210 : TGCCCTGAAA CTCTATGGC ACGACGCATA CCTCAACTTA CCTCA-TCTT CAGCG-----

420 : GTTACTAGT ACCTCT--A GTCAATCT-- GAGGTGTGTA CGGTGAAAA TAAGGCGGTT
    * *** *   * *** * ** * ***   ****   * ** *   * * **
264 : GAATACAAGA CCTTCTCTGA GTAAGTCTCA GAGGTGAAA TGGGT-ACCT TCA--AGGAA

475 : GTTGTGGTG ATGTTTGTG GAAGCATGAA G-ATACTGAT TGTGAAT-CT AATCCATTTA
    **** *   ** * *** *   ****   * ** *   ****   ** * **
321 : GTTTAT----ATCTATGTT CCTTCATGTG GTATGCTAAA CGTGAATGCT CAGCC---TA

533 : GTCAGATTTT AGATGTTAGA GAAGAGTCTT GTGGAAC-CA GG----CCGG ACAGTT---G
    **   ** * ** *   * * ** **   * **** **   * * **
374 : GT---GTTC ACATAATCCA GCAAAGACTA GAAGAACTCA AGAAACTGG ACTTTTATCT

585 : CACGGTTGGA CATCAAGATA TGAATTCTTC GCTGAATTAC GATTGCTGT TAGAGT--TT
    **   *   * ** * *   * ** *   **** *   * *   *** * **
430 : CAATCCTATT CTTCAGTTC T--TCCTCC ACCGAATCAA AACTAATAC TAGCTTTGTT

643 : GAGCAGCACT ATTGGGGCCA AGTTTTCAG GAGAAAGAGA AACCGAAGCA GGAAGAAGAG
    ** ** **   * * **   * **** **   * *   **** *
487 : GATGAGAAG- ACCAG--CA AG-----G GAGAAACAGA CA-ATATGTT CGAAG--GTG

703 : GAGATACAGC AACAGCAACA G--GAACAG CAACAGCAAC AGCTGCAACC GGATTGCTT
    * *** **   * * * *   * ** *   ** *   * **** *   * *
533 : GTGAT-CAGA AGAAACCAGA GATCGACCTG ACCGAGTTTC TTCAGCAACT AGGAATCTTG
  
```

【図 4-17】

-0010181

```

760 : ACTGTTGCG ATTACGGTTG GCCTTGGTCT AATGATATTG TAAATGATCA GACTTCTTGG
    * * * * *
592 : AAGGATGAAA ATGAG-----CAGAACCA AGTGAGGTAG CAGAGTGCA TTCCTCTCCA

820 : GATCCTAATG AGTGCCTTGA TATTAATGAA CTCCTTGGAG ATTTG--AA TGAACCTGG-
    * * * * *
646 : CCATGGAACG AGCAAGAAGA AACT--GGAA GTCCTTTCAG AACTGAGAAT TTCAGCTGGG

876 : -TCCCC--AT C-AGA-GCCA AG-ACCAAAA CCACGTAAT TCTGGTAGTT ATGATTGCA
    * * * * *
704 : ATACCCTGAT CGAGATGCCA AGAAGTGAAA CCAG--AAC TATGCAA--T TTGA-CTCCA

930 : TCCGCTTC--ATCT-CGAG CCACACGATG --GT--CAC GAGTCAATG GTTTGAGTTC
    * * * * *
758 : GCAACTTCGG AAGCTATGAT TTTGAGGATG ATGTATCCTT CCCTTCCAT- CTGGGACTAC

981 : TCTGCA--TA-TTTGA
    * * * * *
817 : TACGGAAGCT TAGATTGA
  
```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993
  
```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924
  
```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Ht          : 2

Matching      : 48.32 [%]
Weight       : 163
  
```

```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCG-
    **** * * * * *
1 : ATGGAGAGAG AGCAAC-CTC CGG--CCAAG AACGAAACA TGGGAGATC TAGAAAAGGT

60 : AGCAGTGGT TTAACGGTGG --CTGATA-- GGCTAAAGAA -----GTGG AAAGAGTACA
    *** * * * * *
58 : TGCATGAAAG GTAAAGCCGG TCCAGAGAAC GCCACGTGTA CTTCCTGTGG AGTTAG-GCA

110 : ACGAGATTGT TGAAGCTTCG GCTGTTAAAG A-AGGAGAGA AACCGAAACG CAAAGTTCCT
    *** * * * * *
117 : ACGGACTTGG GGTAAAT--G GGTGGCTGAG ATCCGTGAG- --CCTAACCG --TGGGACTC

169 : GCGAAAGGGT CGAAGAAAGG TTGTATGAAG GGTAAAGGAG GACCAGATAA TTCTCACTGT
    * * * * *
170 : GTCTCTGGCT CG--GCACGT TTAATACCTC GGT--CGAG GCCGCCATGG CTTACGATGA

229 : AG--TTTtag AGGAGTTA-- GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGA-TTCGAG
    ** * * * * *
225 : AGCCGCTAAG AAATCTATG GACACGAGGC TAACTCAAC TTGG-TGCAC CCACAACAAC

284 : AACCGAAAT AGGAAC TAGA CTTTGGCTTG GTACTTTTCC TACCGCGGAA AAAGCTGCTT
    *** * * * * *
284 : AACACAAGT A-GTAGTGA CAGAACTT- GTCTTTTCTT GCCACGG-G TCGGGTCTT
  
```

【図 4-18】

0010181

```

344 : CCGCTTATGA TGAAGCGGCT ACCGCTATGT ACGGTTCAAT GGCTCG-TCT TAACTTCCTT
      ***** * *** ** ** * ** ***** ** * * ** * **
341 : GGCCTTATAA T-AAGAGGCT -CGATAT-- -GCTTCATG GGTGGACCT TGGTCTCGGC

403 : CAGTC-TGTT GGTCTGAGT TTAGTAGTAC GTCTAGTCAA TCTGAGGTGT GTACGGTTGA
      *** * ** * * *** ** ** * ** * ** * ** * ** * **
394 : CAGGCAAGTT GTTCAGGAGG TT-CTTGCTC AGAGAG---A TC-GAGTTTT CTAC--AAGA

462 : AAATAAGGCG GTTGTGTTGT GT-GATGTTT GT-GTGAAGC ATGAAGATAC -TGATTGTG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
447 : AGATGATGAT CATAGTCATA ATCGATGTTG GTCTTCAAGT GGTTCGAATC TTTGTTGGTT

518 : A-ATCTAAT C-CATTTAGT CAGATTTTAG ATGTTAGAGA AGAGTCTTG- TGAACCCAGG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
507 : ATTACCTAAA CAAAGTGATT CACA---AG AT-CAAGAGA CCGTTAATGC TACGACTAGT

574 : CCGGACAGTT GCA-CGGTT GGACATCAAG ATATGAATTC TTCGCTGAAT T-----
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
562 : TATGGC-GGT GAAGGCGGTG GTGGCTCTAC GT-TAACGTT TTCGACCAAT TTGAAACCAA

623 : ACGATTGCT G-----T TAGAGTTTGA GCAGCAGTAT TGGGGCCAAG TTT-TGCAGG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
620 : AGAATTGAT GAGTCAGAAAT TATGATTAT ACAATGGAGC TTGGTCTAGG TTTCTGTGG

674 : AGAAAGAGAA ACCEAAGCAG GAAGAAGAGG AGATACAGCA ACAGCAACAG GAACAGC-AA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
680 : GGCAAGA-AA A-GAAGACC GAACATGAGC TG-----TCA TCGTCGTGTG GATCGTCGGA

733 : CAGCAACAGC TGCAACCGGA TTTGCTTACT GTTGACAGT ACGGTTGGCC TTGGTCTAAT
      ** *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
732 : CAACAAGGAG AGTATGTTG- GTTCCTAGTT GCGGCGGAGA GAGGAT-GCA TAGGCC---

793 : GATATTGTAA ATGATCAGAC TTCTTGGGAT CCTAATGAGT GCTTTGATAT TAATGAATC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
786 : GGAGTTGAAA -GAGCGAAC ---AGGAT ---AT--- -TTGGAAT GGATGATCT-

853 : CTTGGAGATT TGAATGAACC TGGTCCCAT CAGAGCCAAG ACCAAAACCA CGTAAATTCT
      ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
828 : TTTGGAGATT -GATGATT AGGT-----T TGTG-ATT GGCAAA-A TGGAGATT-

913 : GGTAGTTATG ATTTGCATCC GCTTCATCTC GAGCCACAGC ATGGTCACGA GTTCAATGGT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
875 : ---TCAAG AATTG--- ----GTGTT GTG---AAG A-GTTCAA CATCCATGGA

973 : TTGAGTTCTC TGGATATTTG A
      * **** ** *
914 : ATTGGTTC-- -----TG A

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.nuc
Size            : 993
Matching Position : 1 - 993

```

```

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches        : -1

```

【図 4-19】

0010181

Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*Nt	:	2
Matching	:	39.24 [%]
Weight	:	295


```

1 : ATGGCTGTAT ATGAACAAAC CGGAACCGAG CAGCCGAAGA AAAGGAAATC TAGGGCTCGA
  * * * * *
1 : AT----- --GCCCAGGA AACGGAAGTC TCG---TGGA

61 : GCAGGTGGTT TAACGGTGGC TGATAGGCTA AAGAAGTGA AAGACTACAA CG---AGATT
  * * * * *
28 : ACACGAGAT- ----GTAGC TGAGATTCTA AGGAAATGGA GAGAGTACAA TGAGCAGACC

118 : GTTGAAGCTT C-GGC--TGT TAAAGAAGGA GAGAAACCGA AACGCAAAGT TCCTGCGAAA
  * * * * *
82 : GAGGCAGATT CTTGCATCGA TGGTGGTGGT TCAAAACCAA TCGGAAAGGC TCCTCCAAAA

175 : GGGTCGAAGA AAGGTTGTAT GAAGGGTAAA GGAGGACCAG ATAATTCTCA CTGTAGTTTT
  * * * * *
142 : CGTTCGAGGA AGGTTGTAT GAAAGGTAAA GGTGGACCTG AAAATGGGAT TTGTGACTAT

235 : AGAGGAGTTA GACAAAGGAT TTGGGGTAAA TGGGTTGCAG AGATTCGAGA ACCGAAAATA
  * * * * *
202 : ACAGGAGTTA GACAGAGGAC ATGGGGTAAA TGGGTTGCTG AGATCCGTGA GCCAGGCCGA

295 : GGAAGTAGAC TTTGGCTTGG TACTTTTCTT ACCGCGGAAA AAGCTGCTTC CGCTTATGAT
  * * * * *
262 : GGTGCTAAGT TATGGCTCGG TACTTTTCTT AGTTCATATG AAGCTGCATT GGCTTATGAT

355 : GAAGCGGCTA CCGCTATGTA CGGTTTATTG GCTCGTCTTA ACTTCCTCA GTCTGTTGGG
  * * * * *
322 : GAGGCTTCCA AAGCTATTTA CGG----- TCA GTCTG-----

415 : TCTGAGTTTA CTAGTACGTC TAGTCAATCT GAGGTGTGTA CGGTTGAAAA TAAGCGGGTT
  * * * * *
353 : ----- CCC GACTCAATCT ----- TC C-----

475 : GTTGTGGTG ATGTTTGTGT GAAGCATGAA GATACTGATT GTGAATCTAA TCCATTAGT
  * * * * *
369 : ----- ACTG----- CT-- GCCACTGTGT

535 : CAGATTTTAG ATGTTAGAGA AGAGTCTTGT GGAACCAGGC CGGACAGTTG CACGGTTGGA
  * * * * *
385 : CAG----- G CTCGGTT--A

595 : CATCAAGATA TGAATCTTC GCTGAATTAC GATTTGCTGT TAGAGTTTGA GCAGCAGTAT
  * * * * *
397 : C----- TGCAATTTCT GATGAAT-- CTG-- AAGTTTG-----

655 : TGGGGCCAAG TTTTGCAGGA GAAAGAGAAA CCGAAGCAGG AAGAAGAGGA GATACAGCAA
  * * * * *
425 : ----- TGCACGT GA----- G GATACA-----

715 : CAGCAACAGG AACAGCAACA GCAACAGCTG CAACCGGATT TGCTTACTGT TGCAGATTAC
  * * * * *
441 : ----- AA--TG CAA--GAT-- CT-----

775 : GGTGGCCTT GGTCTAATGA TATTGTAAT GATCAGACTT CTTGGGATCC TAATGAGTGC
  
```

【図 4-20】

0010181

```

453 : **** ** **      ***** * **      * ***      *
      GGT---TT GG-----TCAGA--T CT-----C TAA-----C

835 : TTTGATATTA ATGAATCCT TGGAGATTG AATGAACCTG GTCCCATCA GAGCCAAGAC
      **          ***          ****          *

474 : TT-----CTC---GCATTT-----C

895 : CAAAACACG TAAATCTGG TAGTTATGAT TTGCATCCG TTCATCTCGA GCCACACGAT
      *****          **** *      * **      * * ***      *

486 : CAAAA-----TGTTAAG--TCCAATAAC TGCAT-----T

955 : GGTCAAGAGT TCAATGGTT GAGTTCTCTG GATATTGA
      *** * ***      ***      * **      * * *

513 : GGTTA--AGT ---TGG--G GCGT-----TACTAG-

```

+++++

Sequence 1 : DREB2C.nuc
Size : 1026
Matching Position : 1 - 1026

Sequence 2 : DREB2D.nuc
Size : 621
Matching Position : 1 - 621

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*N+          : 2

Matching     : 43.40 [%]
Weight       : 252

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGTAAGCTGAG
   *** * **          **          ***

1 : ATGTCATC-----CA-----TAG-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGCT
    ** * *      * * **      ****          ** * ****

14 : -----AGCC A-----AAA GT--AATG-----ATGGTTGCT

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCCG AAAGCCTCCT CCAA-AAGGT TCGAGGAAGG GTTGTATGAA
    * * * * ** *** ** **      * * **** ** ***** * *****

37 : GCTAAT-AAG AAACAA--CG AA--CCGT CCAAGCTAGT TCGAGGAAG GTTGTATGAG

180 : AGGTAAAGGT GGACCTGAAA ACGGATTG TGACTATAGA GGAGTTAGAC AGAGCAGATG
    *** ***** ***** ** * *** * ***      ** * ** ***** * * * **

90 : AGGAAAAGGT GGACCCGATA ACGGCTCTG CACTTACAAA GGTGTTAGAC AAGCAGCTG

240 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC AGACGGAGGT GCTAGGTTGT GGCTCGGTAC
    *** ***** ** ***** **** ***** ** **** ** * * *****

150 : GGGCAAATGG GTCGCTGAGA TCCGCGAGCC TAACCGAGCA GCTCGTCTT GGCTCGGTAC

300 : TTTCTCCAGT TCATATGAAG CTGCATTGGC TTATGACGAG GCGG--CCAA AGCTATATAT
    *** **      ** ***** **** ***** ***** ** * * * **** ***

210 : CTTGACACCC TCCGCTGAAG CTGCCTTGGC TTATGACTCC GCAGCTCGTA AGCTGTATGG

358 : G-GTCAGTCT GCCAGACTCA ATCTTCCCGA GATCACAAAT GGCTCTTCTT CGACTGCTGC
    * * ** **      ** ***** * ** ** *      * ***      * * *

```


【図 4-21】

0010181

270 : GCCTGAGGCT —CA—TCTCA ACCTGCCTGA G-----TCCTT AAGAAGTTAC
417 : CACTGCCACT GTGTCCAGGCT CGGTTACTGC ATTTTCTGAT CAATCTGAAG TTTGTCCAGC
* ** * * * * *
313 : C-CTAAAACG GCCTC-GTCT C---CGGC -----GTCC--
477 : TGAGGATACA AATGCAAGTT CAGGTTTTGG TCAGGTGAA CTAGAGGATT GTAGCGATGA
** **** * * * *
340 : -CAGACTACA ---CCAAG- CAG---CAAC ACCGGTGGAA --AAAGCA- GCAGCGA--
537 : ATATGTTCTC TTAGATAGTT CTCAGTGAT TAAAGAGGAG CTGAAAGCAA AAGAGGAAGT
*** * ** * * * *
384 : ----CTC TGAG----T CGCCGTG-T TCA-----TCCAACGA- ----GATGT
597 : GAGGGAAGAA CATAACTTGG CTGTTGGTTT TGGAAATTGGA CAGGACTCGA AAAGGGAGAC
*** * * * *
416 : ----CATCA-----TG TGGAA-----GACT-CA CAGAGGAGA-
657 : TTTGGATGCT TGTTTGATGG CAAATGGCAA TGAACAAGAA CCATTGGAGT TTGTTGTGGA
* **** ** * * * *
443 : ----TATCATGG GA-----GCATATAAA C-----GTGGA
717 : TGAAACGTTT GATATTAATG AGCTATTGGG TATATTAAAC GACAACAATG TGTCTGTTCA
*** * ***** *** ** **
468 : ----TTT GCCGGTAATG -----GATG ATTCT-TCA
777 : AGAGACAATG CAGTATCAAG TGGATAGACA CCCAAATTC AGTTACCAA CGCAGTTTCC
* ** * * * * *
493 : A-----TA-----TGGGAAGAAG CTACAATGTC -GTTA-----GGA-TTCC
837 : AAATTCTAAC TTGCTCGGGA GCCTCAACCC TATGGAGATT GCTCAACCAG CAGTTGATTA
** * ** * * * * *
528 : -ATGGGTTT ATG-AAGGA G-----A TAATGATATT TCTC-----GGTTTGATAC
897 : TGGATGCTCT TATGTGCAGC CCAATGATAT GGAGAACTAT GGTATTGATT TAGACCATCG
* ** *** * * * *
570 : T-TG-----TATT-----CCGGTG-----GCTAT TCTA-ATT GGGA-----
957 : CAGGTTCAAT GATCTTGACA TACAGGACTT GGATTTTGGG GGAGACAAAG ATGTTTCATCG
*** *** * * *
600 : -TTC-----CIT-TCA TTCCCCACIT
1017 : ATCTACATAA
* *
619 : -----TGA

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matching Condition.

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
#Nt	:	2

【図 4-22】

0010181

Matching : 47.50 [%]
Weight : 184

1 : ATGCCGTCGG -ACATTGTTG ACAGGAAAAG GAAGTCTCGT GGAACACGAG ATGTAGCTGA
*** ** **** * * * * * ** * * * * * * * * * *
1 : ATGGAAAAGG AAGATAACGG ATCGAAACAG -AG-CTCCT -CTGCTTCTG TTGTATCCTC

60 : GATTCTAAGG CAATGGAGAG AGTACAATGA GCAGATTGAG GCAGAATCTT GTATCGATGG
** *** * * * * * * * * * * ** * * * * * * * * * *
57 : GA--GAAGA CGAAGAAGAG TG--GTTGA GCCAGTGGAA GC--GACGTT ACAGAGATG-

120 : TGGTGGTCCA A--AAT---- -CAATCCGAA AGCCTCCTCC AAAAGTTCCG AGGAAGGGTT
** ** * * * * * * * * * * ** * * * * * * * * * *
108 : -GGAGGAAGA AGGATTGGCG AGAGCTCGTA GGGTTCAAGC CAAAGTTCCG AAGAAAGGTT

173 : GTATGAAAGG TAAAGGTGGA CCTGAAACG GGATTGTGA CTATAGAGGA GTTAGACAGA
***** ** ***** ** * * * * * ***** * * * * *
167 : GTATGAGAGG AAAAGGTGGA CCAGAGAATC CTGTTTGTGCG GTTTAGAGGT GTTCGACAAA

233 : GGAGATGGCG TAAATGGGTT GCTGAGATCC GTGAGCCAGA CGGAGGTGCT AGGTTGTGGC
** ***** ***** * * * * * * * * * * * * * * *
227 : GGGTTTGGCG GAAATGGGTT GCTGAGATAC GTGAACCAG- -TGAGTCAC- -C

293 : TCGGTACTTT CTCCAGTTCA TATGAAGCTG CATTGGCTTA TGACGAGGCG GCCAAAGCTA

275 : GTGGTGCAA CTCTAG-TCG TAGTAAACGG CTTTGGCTT- -G GC-----A

353 : TATATGCTCA GTCTGCCAGA CTCAATCTTC CCGAGATCAC AAATCGCTCT TCTTCGACTG
*
317 : CGTTTGCT-- -ACTG-CAG- CTGAAGCTGC ----- -TTTGCT-- -TACGACAG

413 : CTGCCACTGC CACTGTGTCA GGCTCGGTTA CTGCATTTTC TGATGAATCT GAAGTTTGTG

357 : ---AGTGC TA--GTGTCA TGTACCG-A C--CCTATGC ---CAGGT TAAATT---

473 : CACGTGAGGA TACAAATGCA AGTTCAGGTT TTGGTCAGGT GAAACTAGAC GATTGTAGCG
*
399 : CCCG-CAAGA ----- -T TTG--GGT G--GGC GA--AG-G

533 : ATGAATATGT TCTCTTAGAT AGTTCTCAGT GTATTAAGA GGAGCTGAAA GGAAAAGAGG
*
424 : AAGAA----- -GGACGA GCAGGCG-----GA

593 : AAGTGAGGGA AGAACATAAC TTGGCTGTTG GTTTTGAAT TGGACAGGAC TCGAAAAGGG
**** **** * * * * * * * * * * * * * * * * * *
444 : AAGTTCGGGA ----- -GGCTATTG G--TTGGAA- -----AC T---AACAA

653 : ACACTTTGA TGCTTGGTTG ATGGGAAATG GCAATGAACA AGAACCATTG GAGTTTGGTG
*
477 : AGCCGGTAAT GCGTGATTG AAACGGAA-G G--TGGAAA AGA--CTATG TAGTCT---

713 : TGGATGAAAC GTTTGATATT AATGAGCTAT TGGGTATATT AAACGACAC AATGTGTCTG
***** ** * * * * * * * * * * ***** * * * *
527 : ACAATGAA-- -GACGCT ATTGAGC-T TGCCCAT-- -GACAAG ACTCAGAATC

773 : GTCAAGA--G ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGACACCCA AATTTCAGTT ACCAAACGCA
*
572 : CT-ATGACTG ATAATGAA- AT--AGTG-- -AACCCA GCAGT--GAA ATCAGAGGAA

【図 4-23】

-0010181

```

831 : GTTTCAAAT TCTAACTGC TCGGGAGCCT CAACCCATG GAGATTGCTC AACCAGGAGT
    * * * * *   * * *   * * *   * *   * * *   * * *   * *
619 : GGTACAA--- GCTA---TGA TCG----- ---ATT CAAATTGGAT AACGGATTGT

891 : TG-ATTATGG ATGTCCTTAT GTGCAGC-CC AGTGATATGG AGAACTATGG TATTGATTTA
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
659 : TGTATAATGA A---CCTCA- ---AAGCTCC AGT---TAT--- --CACCAGGG AGGTGGATTG

949 : CACCATCGCA GGTTCATGA TCTTGACATA CAGGACTTGG ATTTTGGAGG AGACAAAGAT
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
706 : GA----- --TTCA-TA TTTTGA--- ---GT ATTT----- --CAGAT

1009 : GTTCATGGAT CTACATAA
      * *   * *
731 : -----T C---TAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

```

Matching Condition.

```

Matches          : 1
Mismatch         : 1
Gaps             : 1
* N t            : 2

Matching         : 48.77 [%]
Weight           : 150

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGTAGCTGAG
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
1 : AT-----CG AGA----- ---AA---TC-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CACAATCTTG TATCGATGGT
    * * *   * * * *   * * *   * * *   * * *   * *
12 : ATCCT---C AATGAA--- --ACAAT--- ---CG AAGAA-----

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCGG AAAGCCTCCT CCAAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
      * * *   * * *   * * *   * * *   * *
36 : --GGGT--- ---CCTGCT C----- --GG-----

181 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA CGGGATTGTG GACTATAGAG GAGTTAGACA GAGGAGATGG
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
49 : GGTAAAGGCG GTCCACAAAA CGCTCTTTGT CAGTACCGTG GAGTCAGGCA AAGGACTTGG

241 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCC- -AGACGGAGG TGCTAGGTTG TGGCTCGGTA
    * * * * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
109 : GGCAAAATGGG TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC AAGA-AGAGG -GCAAGACTT TGGCTTGGCT

299 : CTTTCTCCAG TTCATATGAA GCTGCATTGG CTTATGACGA GCGGCGCAAA GCTATATATG
    * * *   * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
167 : CTTTCGCTAC AGCTGAAGAA GCAGCTATGG CTTATGATGA GGTGCTCTTG AAACCTCTATG

359 : GTCAGTCTGC CAGACTCAAT CTTCCCGAGA TCACAAATCG CTCTTCTTC- GACTGCTGCC
    * * *   * *   * * *   * * *   * * *   * * *   * *
227 : GGCACGACGC ATACCTCAA- CTTACC----- TCA----- -TCTTCAGCG GAATAC-AAG

```

【図 4-24】

0010181

```

418 : ACTGCCACTG TGTCAAGCTC GGTACTGCA TTTTCTGATG AATCTGAAGT TTGTGCACGT
    ** * *** ** * *** * * * * * * * * * * * *
273 : ACCTTCTCTG ACTAAGTCTC AG-----A GGTTCAAATG GGT---ACCT TCAAGGAAGT

478 : GAGGATACAA ATG-CAAGTT CAGGTTTGG TCAGGTGAAA CTAGAGGATT GT-AGCGATG
    *** ** ** * * *** * * * * * * * * * * *
323 : --TTATATCT ATGTTTCTT CA---TGTGG T-ATGCTAAA C--GTGAATG CTCAGCCTAG

536 : AATATGTTCT CTTAGATACT TCTCACTGTA TTAAAGAGGA GCTGAAAGGA AAAGAGGAAG
    ***** * *** * * * * * * * * * * *
375 : ---TGTTC- ---ACATAAT --CCAGCAAA GACTAGAAGA ACTCAA--GA AACTGGACT

596 : TGAGGGAAGA ACATAACTTG GCTGTTGTT TTGGAATTGG ACAGCACTCG AAAAGGGAGA
    * * * * * * * * * * * * * * * * * *
423 : T---TTATC TCAATCTAT TCTTCTAGTT CT--TCCTCC AC--CGAATCA AAAACTAATA

656 : CTTTGGATGC TTGTTGATG GGA--AATGG CAATG---A ACA-AGAA-C CATTGGAGTT
    ** ** * * * * * * * * * * * * * * *
476 : CT---AGC TTTCTTGATG AGAAGACCAG CAAGGGAGAA ACAGACAATA TGTTGGAAG

708 : TGGTG--TGG ATGAAACGTT TGATATTAAT GAGCTATTGG GTATATTAAA CGACAACAAT
    ***** * * * * * * * * * * * * * *
531 : TGGTGATCAG AAGAAACCAG AGATCGACCT GACC---GA GTTCTT--- CAGCAACTAG

766 : GTGTCTGGTC AAGA-GACAA T--GCAGTA TCAAGTGGAT AGACACCCAA ATTTCACTTA
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
584 : GAATCTTG-A AGGATGAAA TGAAGCAGAA CCAAGTG--- AGGTAGCAGA GTGTCA-TTC

822 : CCAAACGCGC TTTCAAATT CTAAGTTGCT CGGAGCCTC AACCTATGG AGATTGCTCA
    ** ----- **** * * * * * * * * * *
639 : CC----- -CTCCACCAT GGAACGAGC- AAGAAG--- AACTGGAAG TCCTTTCAGA

882 : AC-CAGGAGT TGATTATGGA TGTCTTAT- GTGCAGCC- -CAGTGATAT GGAGAACTAT
    ** * * * * * * * * * * * * * * *
685 : ACTGAGAATT TCAGCTGGGA TACCCTGATC GAGATGCCAA GAAGTGA-AA CCACAACAT

937 : GGTG-TTGA- TTTAG-ACCA TCGCAGGTTT AATGATCTTG A-CATACAGG A--CTTGGAT
    * * * * * * * * * * * * * * * * *
744 : GCAATTTGAC TCCAGCAACT TCGGAAG--C TATGATTTG AGGATGATGT ATCCTTCCCT

991 : TTTGGAGGAG ACAAAGATGT TCATGGATCT ACATAA
    * * * * * * * * * * *
802 : TCCATCTGGG ACTACTACG- -GAAGCTTAG A-TTGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatched       : 1
Gaps             : 1
*H+              : 2
Matching         : 48.42 [%]

```

【図 4 - 2 5】

0010181

Weight : 130

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGCAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGTAGCTGAG
  **          **** * ***          ***
1 : AT-----GGAA--G AAG-----AGC-----

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGGT
  * ** *** * *** ** **          ** ****
14 : AACCTCCGGC CA--AGA--AACGA--AA--CATGG--

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCGG AAAGCCTCCT CCAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
  **          **** * * * * * ****
41 : --GG-----AGAT CTAGAAAGG TTGCATGAAA

181 : GGTAAAGGCTG GACCTGAAAA GGGGATTGTG GACTAT-AGA GGAGTTAGAC AGAGGAGATG
  **** * * * * * ** * * * * * **** * * * * *
67 : GGTAAAGGCG GTCCAGAGAA CGCCACGTGT -ACTTTCCGT GGAGTTAGGC AACGGACTTG

240 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC AGACGGAGGT GCTAGGTTGT GGCTCGGTAC
  **** * * * * * **** * * * * * ** * * * * *
126 : GGGTAAATGG GTTGCTGAGA TCCGTGAGCC TAACCGTGGG ACTCGTCTCT GGCTCGGCAC

300 : TTTCTCCAGT TCATATGAAG CTGCATTGGC TTATGACGAG GCGGCCAAAG CTATATATGG
  ** * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
186 : GTTAAATACC TCGGTGAGG CGGCCATGGC TTAGGATGAA GCCGCTAAGA AACTCTATGG

360 : TCAGTCTGCC AGACTCAATC TTCCCGAGAT CACAAATCGC TCTTCTCGA CTGCTGCCAC
  ** ** * * * * * ** * * * * * * * * * *
246 : ACACGAGGCT AAACCTGAA-C TTGGTGACAC CACAACAACA ACAACAAGTA GTAAGT-AAC

420 : TGCCACTGTG TCAGGCTC-G GTTACTGCAT TTTCTGATGA ATCTGAAGTT TGTGCACGTG
  * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
304 : AGAAACT-TG TCTTTTCTG GCCACGG--GTGCGGT--TCTTGGGCT TAT-AATAAG

479 : AGGATACAAA TGCAACTTCA GGTTTTGGTC AGGTGAAAC- TAGAGGATTG TAGCGATGAA
  * * * * * ** * * * * * * * * * *
355 : AAGCTCGATA TG--GTTCA TGGGTGGAC CTTGGTCTCG GCCAGGCAAG T--TGTTAC

538 : TATGTTCT--CTTAGATAGT TCTCAGTGT TTA--AAG AGGA-GCTGA AAGGAAAAGA
  * * * * * ** * * * * * ** * * * * *
410 : GAGGTTCTTG CTCAGAGAGA TC-GAGTTT CTACAAGAAG ATGATGATCA TAGTCATAAT

591 : GGAAGTGAG- --GGAACAAC ATAACCTGGC TGTGCTTTT GGAATTGGAC A--GGACTC
  ** ** * * * * * ** * * * * *
469 : CGATGTTCTG CTTCAAGTGG TTCGAATCTT TGTGCTTAT -TACCTAAAC AAAGTGATTG

645 : GAAAAG--G GAGACTTTGG ATGCT-----TGGTTCATG- --GGAATGGC AATGAACAAG
  ** **** * **** * * * * * ** * * * *
528 : ACAAGATCAA GAGACCGTTA ATGCTACGAC TAGTT-ATGG CCGTGAAGGC GGTGGTGGCT

695 : AACCATTGGA GTTT--GGTG TGGATGAAAC GTTTGATATT AATGAC--CTATTGGG
  * ** **** * **** ** ** ****
587 : CTACGTTAAC GTTTTCGACC AATTGAAAC CAAAGAATTT GATGAGTCAG AATTATGGAT

747 : TAT--ATTA AACGACAACA ATGTGTCT--GGTCAAG--AGACAATG CAGTATCAAG
  *** ** * * * * * ** **** ** * * *
647 : TATACAATGG AGCTTGGTCT AGGTTTCTTG TGGGGCAAGA AAAGAAGACG GAACATGACG

797 : TG-GATAGAC ACCCAAT-T TCAGTTACCA AACGCAGTTT CCAAATTCTA ACTTGCTCGG

```

【図 4-26】

0010181

```

707 : TGTATCGTC GTGTGCATCG TCGGACAACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCT AGTTCGGCG
855 : GAGCCTCAAC CCTATGGAGA TTGCTCAACC AGGAGTT-GA TTATGGATGT CCTTATGTGC
    ***          ***   * *   ***** *   *   *   ***
767 : GAG-----AGAGG ATGCATAGGC CGGAGTTGGA AGAGCGAACA GGATATTGG
914 : AGCCCACTGA ---TATGGAG AACTATGGTA TTGATTAGA CCATCGCAGG TTCAATGATC
    *   ***   *   ***** *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
815 : AAATGGATGA TCTTTTGAG ATTGATGATT TAGGTTT-GT TGATTG-----GCAAAAATG
971 : TTGACATACA GGAATTGGAT TTTGGAGGAG ACAAAGATGT TCATGGA--T CTACATAA
    ** * ** ** ***** ** * ** *   * *   ***** *   *
869 : GAGA-TTCA AGAATTGGTG TTGTAAGAG TTCA-ACAT CCATGGAATT GGTTCGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.nuc
Size            : 1026
Matching Position : 1 - 1026

```

```

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*#*#           : 2

Matching       : 48.34 [%]
Weight         : 62

```

```

1 : ATGCCGTCGG AGATTGTTGA CAGGAAAAGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGATGCTGAG
    ***** ** ***** ***** *****
1 : ATGCC-----CAGGAAACGG AAGTCTCGTG GAACACGAGA TGATGCTGAG

61 : ATTCTAAGGC AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGATTGAGG CAGAATCTTG TATCGATGGT
    ***** ***** ***** ***** ***** *****
46 : ATTCTAAGGA AATGGAGAGA GTACAATGAG CAGACCGAGG CAGATTCTTG CATCGATGGT

121 : GGTGGTCCAA AATCAATCCG AAAGCCTCCT CCAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA
    ***** ** ***** ***** ***** ***** *****
106 : GGTGGTTCAA AACCAATCCG AAAGCCTCCT CCAAAGGTT CGAGGAAGGG TTGTATGAAA

181 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA CGGGATTGT GACTATAGAG GAGTTAGACA GAGGAGATGG
    ***** ***** ***** ***** * ***** ***** *****
166 : GGTAAAGGTG GACCTGAAAA TGGGATTGT GACTATACAG GAGTTAGACA GAGGACATGG

241 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCCA GACGGAGGTG CTAGTTGTG GCTCGGTACT
    ***** ***** ***** * * ***** ** * *****
226 : GGTAAATGGG TTGCTGAGAT CCGTGAGCCA GCGCGAGGTG CTAAGTTATG GCTCGGTACT

301 : TTCTCCAGTT CATATGAAGC TGCATTGGCT TATGACGAGG CGGCCAAAGC TATATATGGT
    ***** ***** ***** ***** * ***** * *****
286 : TTCTCTAGTT CATATGAAGC TGCATTGGCT TATGATGAGG CTTCCAAGC TATTTACGGT

361 : CAGTCTGCCA GACTCAATCT TCCCGAGATC ACAAATCGCT CTTCTTCGAC TGCTGCCACT
    ***** ***** ***** ** **
346 : CAGTCTGCCC GACTCAATCT TCC-----AC TG-----CT

```

【図 4-27】

-0010181

```

421 : GCCACTGTGT CAGGCTCGGT TACTGCATTT TCTGATGAAT CTGAAGTTTG TGCACGTGAG
*****
375 : GCCACTGTGT CAGGCTCGGT TACTGCATTT TCTGATGAAT CTGAAGTTTG TGCACGTGAG

481 : GATACAAATG CAAGTTCAGG TTTTGGTCAG GTGAACTAG AGGATTGTAG CGATGAATAT
*****
435 : GATACAAATG CAAGATCTGG TTTTGGTC- - - - -

541 : GTTCTCTTAG ATAGTCTCA GTGTATTAA GAGGAGCTGA AAGGAAAAGA GGAAGTGAGG
** ***
463 : - - - - - AGATCTC- - - - -

601 : GAAGAACATA ACTTGGCTGT TGGTTTGGGA ATTGGACAGG ACTCGAAAAG GGAGACTTTG
** ***
470 : - - - - - TA ACT- - - - -

661 : GATGCTTGGT TGATGGGAAA TGGCAATCAA CAAGAACCAT TGGAGTTTGG TGTGGATGAA
475 : - - - - -

721 : ACGTTTGATA TTAATGAGCT ATTGGGTATA TTAACGACA ACAATGTGTC TGGTCAAGAG
** *
475 : - - - - - TC T- - - - -

781 : ACAATGCAGT ATCAAGTGA TAGACACCCA AATTTCAGTT ACCAAACGCA GTTTCCAAAT
****
478 : - - - - - CGCA -TTTCCAAA-

841 : TCTAACTGCG TCGGGAGCCT CAACCTATG GAGATTGCTC AACCAGGAGT TGATTATGGA
490 : - - - - -

901 : TGTCTTATG TGCAGCCCG TGAATGGAG AACTATGGTA TTGATTAGA CCATCGCAGG
*** * ** *** * **** * * *** ** **
490 : - - - - - ATG TTAAGTCCA- - - - - AT AACT- GCA TTGGTTAAG- - - - -

961 : TTCAATGATC TTGACATACA GGAATTGGAT TTTGGAGGAG ACAAAGATGT TCATGGATCT
**** ** *
520 : - - - - - TTGG- - - - - GCGGTT

1021 : ACATAA
** **
530 : AC-TAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

```

Sequence 2      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H*         : 2

```

【図 4-28】

0010181

Matching : 49.93 [%]
Weight : 81

```

1 : ATG-----TC ATC--CATAG AG-----CCAAA
   ***          *** * ** **          ***
1 : ATGGAAGG AAGATAACGG ATCGAAACAG AGCTCCTCTG CTCTGTGTGT ATCCTCGAGA

21 : AG---TAA TGATGGTG---GT---GCTA---AT---AAGAA---
   **   **   ****   **   * **   **   ****
61 : AGACGAAGAA GAGTGGTGA GCCAGTGGAA GCGACGTTAC AGAGATGGGA GGAAGAAGGA

48 : -----AC AACGAACCGT CCAAGCTA--GTTCCAGGA AAGGTTGTAT GAGAGGAAAA
   *   ** * **   **** *   ***** ** *****
121 : TTGCCGAGAG CTCGTAGGGT TCAAGCCAAA GGTTCGAAGA AAGGTTGTAT GAGAGGAAAA

97 : GGTGGACCGG ATAACGGGTC TTGCACTTAC AAAGGTGTTA GACAACGCAC TTGGGGCAAA
   ***** * ** * **   *** *   * ***** **** *   *****
181 : GGTGGACCGG ACAATCCTGT TTGTCGGTTT AGAGGTGTTT GACAAGGGT TTGGGGGAAA

157 : TGGGTCGCTG AGATCCCGGA GCC---T AACCGAGGAG C-----TCGT-----
   ***** **** ** **   *   **** ** *   ****
241 : TGGGTCGCTG AGATACGTGA ACCAGTGAGT CACCGTGGTG CAAACTCTAG TCGTAGTAAA

196 : ---CTTTGGC TCGGTACCTT CGACACCTCC CGTGAAGCTG CTTGGCTTA TGAATCCGCA
   ***** * ** ** * ** *   ***** * ***** ** **
301 : CGGCTTTGGC TTGCCAGGTT TGCTACTGCA GCTGAAGCTG CTTGGCTTA CGACAGAGCT

253 : GCTCGTAAGC TCTATGGGCC TGAGGCTCAT CTCAACCTCC CTGAGTCCTT AAGAAGTTAC
   *** **   * ** ** **   * **   * ** ** **   * **
361 : GCTAGTGTC AGTACGGACC CTATGCCAGG TTAATTTCC CGGAAGATT GGTGGGGGA

313 : CCTAAACGG CGTCTCTCC GCGGTCCAG ACTACACCAA GCAGCAACAC CGGTGAAAAA
   ** *   * ** * **   * ** *   * ** *   * **
421 : AGGAAGAAG- -CAGC---A GGAGGCGGAA AGTTCGGGAG GC---TAT TGTTG-GAA

373 : AGCAGCAGCG ACTCTGAGTC GCCGTG-TTC ATCC-AACG -AGATGTCAT CATGTGG-A
   * ** *   * ** *   * ***** * ** ** **   * *****
469 : ACTAACAAG CCGGTAA-T GCGGTGATTG AAACGGAAGG TGGAAAAGAC TATGAGTCT

427 : AGAGTGACAG AGGAGAT-A TCATGGGAGC AT-ATAA-AC GTGCA---T TTG-CCGGTA
   * ** ** * ** *   * ** *   * ** *   * ** *   * **
527 : ACAATGA-AG ACGCTATTGA GCTTGG-CC ATGACAAGAC TCAGAACTCT ATGACTGATA

478 : ATGGA---T G-ATTCTCA ---ATATGGG AAGAA-GCTA CAATGTGCTT ACGATTCCA
   *** *   * ** * **   * ** *   * ** *   * **
584 : ATGAAATAGT GAACCCAGCA GTGAAATCAG AGGAAGGTTA CAGCTATGAT -CGATTCAAA

529 : TGGGTTTCATG AA-GGAG-A TAATGATATT TCTCGGTTTG ATACTTGAT TTCCGGTGG-
   * ** * ** * ** *   ***** * ** *   * **
643 : TTGATAACG GATTGTGTA TAATGA-ACC TCAAGCT-- CCAATTATCA CCAGGGAGGT

585 : CTATTCTAAT TGGGATTCTT TTCATTCCCC ACTTTGA
   **** ** *   ****          *** *   *
700 : GGATTC-GAT TCATATTTTG AGTATTTTCA ATTCTAG

```

+++++

Sequence 1 : DREB2D.nuc
Size : 621
Matching Position : 1 - 621

【図 4-29】

0010181

Sequence 2 : DREB2F.nuc
 Size : 834
 Matching Position : 1 - 834

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #Ht : 2
 Matching : 46.13 [%]
 Weight : 164

```

1 : ATGTCATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTGCTA ATAAGAAACA ACGAACCGTC
   ***      ***  ** *      * * ** * * * * * *
1 : ATG-----GAG-AA A-----TCATCCTC A-ATGAAACA A-----

61 : CAAGCTAGTT CGAGGAAAGG TTGTATGACA GGAAGAGGTC GACCCGATAA CGCGCTCTGC
   * ** ** * * * * * ** * * * * *
28 : -----T GGAAGAAAGG TCCTGCTCGG GGTAAAGGCG GTCCACAAAA CGCTCTTTGT

121 : ACTTACAAAG GTGTTAGACA ACGCACTTGG GGCAAAATGGG TCGCTGAGAT CCGGAGGECT
   *** * * ** ** * * * * * * * * * * * * * * * *
79 : CAGTACCGTG GAGTCAGGCA AAGGACTTGG GGCAAAATGGG TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC

181 : AA-CCGAGCA GCTCGTCTTT GGTCTGGTAC CTTGACACCC TCCCGTGAAG CTGCTTGGC
   ** **** ** * **** ** * **** ** * **** ** *
139 : AAGAAGAGG- GCAAGACTTT GGCTTGGCTC TTTCGCTACA GCTGAAGAAG CAGCATATGGC

240 : TTATGACTCC GCAGCTCGTA AGCTCTATGG GCCTGAGG-----CTCATCT
   ***** ** ** * * * * * * * * * * *
198 : TTATGATGAG GCTGCCCTGA AACTCTATGG GCACGAGGCA TACCTCAACT TACCTCATCT

285 : -----CAA-CCT CCCTGAGT- CCTTAAGAAG T-----TACCCTAAA-
   *** * * * * * * * * * * * * * * *
258 : TCAGCGGAAT ACAAGACCTT CTCTGAGTAA CTCTCAGAGG TTCAAATGGG TACCTTCAAG

319 : -----ACG GCGTCGCTC C-----GG -----C GT-----CCC AGACT-----
   * * * * * * * * * * * * * * *
318 : GAAGTTTATA TCTATGTTT CTTCATGTGG TATGCTAAAC GTGAATGCTC AGCCTAGTGT

346 : -ACACCAAG CAGC-AACAC CGGTGGAA- -AAAGC- - - - -
   *** * **** ** ** * *** ** *
378 : TCACATAATC CAGCAAAGAC TAGAAGAACT CAAGAAACT GCACCTTTAT CTCATCCTA

376 : -----AG- -----CA GCG-----ACTCTGAGT GCGCGTGTTT AT-----C
   ** ** ** * * * * * * * * *
438 : TTCTTCTAGT TCTTCTCCA CCGAATCAAA AACTAATACT AGCTTTCTTG ATGAGAAGAC

405 : CAAC---GA GA---TGTC TATG-TGGA AG-AGTGA- CAGAGG---AGATAT---
   ** * ** ** * ** * ** * ** * ** *
498 : CAGCAAGGGA GAAACAGACA ATATGTTGGA AGGTGGTGAT CAGAAGAAAC CAGAGATCGA

446 : CATG-----GCAGC A-TA-----TAAACG-T GGATTG---CC---
   * ** *** * ** * * * * * *
558 : CCGACCGAG TTTCTTCAGE AACTAGGAAT CTTGAAGGAT GAAATGAAG CAGAACCAAG

474 : -GGTAATG GA---TGATT -CTTCAAT ATGG-----GAAGAAG CTACAATGTC
   **** ** * **** ** ** ***** ** **
618 : TGAGGTAGCA GAGTGTCAAT CCCCTCCACC ATGGAACGAG CAAGAAGAAA-CTGGAA-GTC
  
```

【図 4-30】

0010181

```

516 : GTT----- --AGGATTTC -CATGGGTT- -CATGAAGGA GAT----- AATGA-----
      **          ** *****      * * * * *      * * * * *      * * * * *
577 : CTTTCAGAAC TGACAATTTC AGCTGGGATA CCCTGATCGA GATGCCAAGA AGTGAAACCA

552 : -TATTTCTCG GTTTGATACT TGTATTTCCG GTGGCTATTC TAATTGGGAT -----TCCT
      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
737 : CAACATGCA ATTTGACTCC AGCAACTTCG GAAGCTATGA TTTTGAGGAT GATGTATCCT

605 : TTCATTCC-- -----CCAC T----- --TTGA
      * * * * *      * * * * *      * * * * *
797 : TCCCTTCCAT CTGGGACTAC TACGGAAGCT TAGATTGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.nuc
Size            : 621
Matching Position : 1 - 621

```

```

Sequence 2      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*NT         : 2

Matching      : 45.04 [%]
Weight       : 190

```

```

1 : ATGTCATCCA TAGAGCCAAA AGTAATGATG GTTGGTGCTA ATAAGAAACA ACGAACCGTC
   ***          ** ** ** **      * *      *** * ***** * *
1 : ATG----- --GA-AGAAG AGCAA----- --CCTCCGG CCAAGA--A ACGAAACAT-

61 : CAAGCTAGTT CGAGGAAAGG TTGTATGAGA GGAAGAGGTG GACCCGATAA CGCGTCTTGC
   * ** * * ** ***** *** ***** * ** ***** * * ** ** ** *** * **
39 : --GGGAGAT CTAGAAAAGG TTGCATGAAA GGTAAAGGCG GTCCAGAGAA CGCCACGTGT

121 : ACTTACAAAG GTGTTAGACA ACGCACTTGG GGCAATGGG TCGCTGAGAT CCGCGAGCCT
     **** * * * ***** ** ***** ** ***** * ***** *** *****
97 : ACTTTCCGTG GAGTTAGGCA ACGGACTTGG GGTAAATGGG TGGCTGAGAT CCGTGAGCCT

181 : AACCAGGAG CTCGTCTTGG GCTCGGTACC TTGCACACCT CCGTGAGG TGCCTTGGCT
     ***** ** ***** ** ***** ** ** * **** * ** ** *** *****
157 : AACCAGGAG CTCGTCTCTG GCTCGGCACG TTTAATACCT CCGTCGAGGC CGCCATGGCT

241 : TATGACTCCG CAGCTCGTAA GCTCTATGGG CCTGAGGCTC ATCTCAAC-- --CTCCCT
     ** ** * * *** ** ***** * ***** * ***** * ***
217 : TACGATGAAG CCGCTAAGAA ACTCTATGGA CACGAGGCTA AACTCAACTT GGTGCACCCA

295 : GA-----GTC CTTAAGAAGT --TACCCTAA AAC----- --GGC-- --GTCG--
     * * * * *      * * * * *      * * * * *      * * * * *
277 : CAACAACAAC AACAAGTAGT AGTGAACAGA AACTTGTCTT TTTCTGGCCA CGGCTCGGGT

328 : TCTCCGGC-- -----G TC--CCAG
     *** ***      * * * * *
337 : TCTTGGGCTT ATAATAAGAA GCTCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG

343 : AC-----TA CACCAAG-- -----CAGCA ACACCG--G TGAAGAAAGC AGCAGCGACT

```

【図 4-31】

0010181

```

397 : GCAAGTTGTT CACGAGGTTT TTGCTCAGAG AGATCGAGTT TTCTACAAGA AGATGATGAT
      *      * *** * *      *** * * * * * * * * * *
386 : CTGAGTC--- -GCCGTGTTT ATC---CAA--- ---CGA--- ---GAT-GTC ATCATGTGGA
      * **** * * **** * * * * * * * * * *
457 : CATAGTCATA ATCAGATGTTT GTCTTCAAGT GGTTCGAATC TTTGTTGTTT ATTACCTAAA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

427 : -AGAGTGA-- CAGAGGA--- --- ---GA -TA-TCATGG ---GA---
      * ***** ** * **      * * * * * * * *
517 : CAAAGTGATT CACAAGATCA AGAGACCGTT AATGCTACGA CTAGTTATGG CGGTGAAGGC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

453 : -----GC- -ATATAAAC GT----- ---GGATTI GCCG-GT---
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
577 : GGTGGTGCGT CTACGTTAAC GTTTTCGACC AATTGAAAC CAAAGAATTI GATGAGTCAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

477 : -----AATGG----- ATGATTCTT- ---CAATA TGGGAAGAAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
637 : AATTATGGAT TATACAATGG AGCTTGCTCT AGGTTTCTTG TGGGGCAAGA AAAGAAGACG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

505 : CTACA-----AT-GTC GTTAGGAT-- --- ---TTCC-
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
697 : GAACATGACG TGTCATCGTC GTGTGGATCG TCGGACAACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCTT
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

528 : -----ATGGGT TCAT-----GAAG ---GA---G ATA-----
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
757 : AGTTGCCGCG GAGAGAGGAT GCATAGGCCG GAGTTGGAAG AGCGAACAGG ATATTTCGAA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

548 : ---ATGATA TTTCTCGGTT TGAT-ACTT- -GTATTTCG GTGGCTA--- ---TTC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
817 : ATGGATGATC TTTTGGAGAT TGATGATTTA GGTTCGTTGA TTGGCAAAAA TGGAGATTTC
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

591 : --TAATTGG- ---GATTC CTTTCATTCC CCA----- -CTTTGA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *
877 : AACAATTGGT GTTGGAAGA GTTCAACAT CCATGGAATT GGTTCGTA
      * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

+++++

Sequence 1 : DREB2D.nuc
 Size : 621
 Matching Position : 1 - 621

Sequence 2 : DREB2H.nuc
 Size : 534
 Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 #N+ : 2
 Matching : 47.49 [%]
 Weight : 113

```

1 : ATG-----TCAT-----CCA---TAG-----AGCCA---
    ***      * * *      * * * * *
1 : ATGCCCAGGA AACGGAAGTC TCGTGAACA CGAGATGTAG CTGAGATTCT AAGGAAATGG

19 : --AAAGT--A ATG-----ATGG TTGGTGCT-A ATAAGAAACA
    * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : AGAGAGTACA ATGAGCAGAC CGAGGCAGAT TCTTGCATCG ATGGTGGTGG TTCAAAACCA
    * * * * * * * * * * * * * * * *

```

【図 4-32】

0010181

```

51 : A--CGAA--CCGTCCAAG CTAGTTCGAG GAAAGGTTGT ATGAGAGGAA AAGGTGGACC
* **** * ***** * **** * **** * **** * **** * **** * ****
121 : ATCCGAAAGG CTCCTCCAA- AACGTTCCGAG GAAGGTTGT ATGAAAGGTA AAGGTGGACC

105 : CGATAACGGC TCTTGCACTT ACAAAGGTGT TAGACAACGC ACTTGGGGCA AATGGGTCCG
** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
180 : TGAAATGGG ATTTGTGACT ATACAGGAGT TAGACAGAGG ACATGGGGTA AATGGGTTGC

165 : TGAGATCCGC GAGCCTAACG GAGGAGCTCG TCTTTGGCTC GGTACCTTCG ACACCTCCCG
***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
240 : TGAGATCCGT GAGCCAGGCC GAGGTGCTAA GTTATGGCTC GGTACTTTCT CTAGTTCATA

225 : TGAAGCTGCC TTGGCTTATG ACTCCGCAGC TCGTAAGCTC TATGGGCCTG AGGCTCATCT
***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
300 : TGAAGCTGCA TTGGCTTATG A-----TC AGGCT--TC-

285 : CAACCTCCCT GAGTCCTTAA GAAGTTACCC TAAACGGCG TCGTCTCCG CGTCCAGAC
*** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
330 : CAA-----AG-CT--ATT--ACGG--TCAGT C-TGCCCGAC

345 : TACACCAAGC AGCAACACCG GTGGAAAAAG CAGCAGCGAC TCTGAGTCGC CGTGTTTCATC
* *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
359 : T--CAATC TTC-CA-----CTGCTGCCAC TGTGTCAGGC TCGETT---

405 : CAACGAGATG TCATCATGTG GAAGAGTGAC AGAGGAGATA TCATGGGAGC ATATAACGTT
** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
396 : --AC--TG -CATTTTCT- GATGAAT--C TGAAGTTGT GCACGTGAGG ATACAAA--

465 : GGATTTGCCG GTAATGGATG ATTCTTCAAT ATGGGAAGAA GCTACAATGT CGTTAGGATT
*** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
443 : ----TGCAA GATCTGGTT--TTGGTCA-----GA TCTCTAATT C--TCGCATT

525 : TCCATGGGTT CATGAAGGAG ATAATGATAT TTCTCGGTTT GATACTTGTA TTTCCGGTGG
*** * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
484 : TCC-----AAAATGTTA-----AGTCC AATAACTGCA T-----TGG

585 : CTATTCTAAT TGGGATTCCT TTCATTCCCC ACTTTGA
** * * * * * * * * * * * * * *
515 : TTA---AGT TGGG-----GCGTT---AC--TAG

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

```

Sequence 2      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+         : 2

Matching      : 48.77 [%]
Weight       : 145

```

【図 4-33】

-0010181

```

1 : ATGGA-AAAG GAAGAT-AAC GGATC---GA AACAGAGCTC CTCTGCTTCT GTGTATCC-
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGGAGAAAT CATCTCAAT GAAACAATGG AAGAAGGGTC --CTGCTCGG GGTAAAGGCG

55 : -TCGAGAAGA CG----- AAGAAGAGTG G-TTGAGCCA GTGGA----- AGCGA---CG
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
59 : GTCCACAAA GGCTCTTGT CAGTACCGTG GAGTCAGCCA AAGGACTTGG GGCAATGGG

97 : TTACAGAGAT ---GGGAG--G AAGAAGGATT GCGAGAGCT CG---TAGGCT -TCAAGCCAA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
119 : TGGCTGAGAT CAGAGAGCCC AAGAAG--AG GGCAAGACTT TGGCTTGCT CTTTCGTAC

150 : AGGTTCGAAG AA-AGGT-T G---TATGA- GAG----- -GAAA---A GGTG---GAC
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
177 : AGCT--GAAG AAGCAGCTAT GGCTTATGAT GAGGCTGCCT TGAACCTCTA TGGGCACGAC

188 : -CAGA---GA A-----TCC TGTTCGCGG TTTAGAGG-- --TGTTCCGAC AAAGGCTTG
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
235 : GCATACCTCA ACTTACCTCA TCTTCAGCGG AATACAAGAC CTTCTCTGAG TAACCTCAG

234 : GGG--GAAAT GGGTTGC-TG AGATACGTGA ACCACTGAGT CACCGTGGTG -CAAACCTA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
295 : AGGTTCAAAT GGGTACCTTC AAGGAAGTTT ATATCTATGT TTCCTTCATG TGGTATGCTA

290 : GTCGT-ACTA AACGGCTTTG GCTTGGCAGC TT--TGC--- TACT-CCAG- -CTGAAG---
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
355 : AACGTGAATG CTCAGCCTAG TGTTACATA ATCCAGCAAA GACTAGAAGA ACTCAAGAAA

338 : -CTG---CTT TGGCTTACGA CAGAGCTGCT AGTCTCATGT ACCGACCCTA TGCCAGGTTA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
415 : ACTGGACTTT TATCTCAATC CTATTCTTCT AGT-TCCTCC TC-CACCGAA TCAAAACTA

394 : AATTTCCCGG AAGATTTGGG TGGGGGA--A GGAAGAAGGA CGAGGAGGCG GAAAGTTCGG
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
473 : A---TACTAG CTTTCTTGAT GAGAAGACCA GCAAG--GGA GAAACAGACA ATATGTTC--

452 : GAGGCTATTG GTTGAAACT AACAAAGCCG GTAATG-GCG TGATTGAAAC GGAAGGTGGA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
526 : GAAGGTGAGT ATCAGAAGAA ACCAGAGATC GACCTGACCG AGTTTCTTCA GCAACTAGGA

511 : AAAGACTATG TAGTCT-ACA ATGA---AGA CGCTATTGAG CTTGGCCA-T GACAAGACTC
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
586 : A---TCT-TG AAGGATGAAA ATGAAGCAGA ACCAAGTGAG GTAGCAGAGT GTCATTCCCC

566 : AGAATCCTAT GACTGATAAT GAA-ATAGT- GAA--CC--- CAGCAGTGA- AATCAGAGGA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
642 : TCCA-CCATG GAACGAGCAA GAAGAACTG GAAGTCCTTT CAGAACTGAG AATTTCAGCT

618 : AGGTTACAGC TATGATC--G ATTCAAATTG GATAACGGAT TGTGTATAA TGAACCTCAA
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
701 : GGGATA---C CCTGATCGAG ATGCCAAGAA GTGAAACCAC AACTATGCAA TTTGACTCCA

676 : --AGTCC-- -AGTTATCA- --CCAGGGAG GTGGA---TT CGATTCTAT TTTGAGTATT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
758 : GCAACTTCGG AAGCTATGAT TTTGAGGATG ATGTATCCTT CCCTTCCATC TGGGACTACT

725 : TCAGATTG-T AG-----
* * * * *
818 : ACCGAAGCTT AGATTGA

```

【図 4-34】

0010181

+++++

Sequence 1 : DREB2E.nuc
Size : 735
Matching Position : 1 - 735

Sequence 2 : DREB2G.nuc
Size : 924
Matching Position : 1 - 924

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatch : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 45.74 [%]
Weight : 200

```

1 : ATGCAAAAGG A-----A GATAACGGAT CGAAACA---GAGCTC---CTCTGC
***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAAACATGG GGAGATCTAG AAAAGGTTGC

42 : TTCTGTTGTA -----TCC TCGAGAAGAC GAAGAAGA--GTGG-T TGAGCCAGTG
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
61 : ATGAAAGGTA AAGGCGGTCC -AGAGAACGC CACGTGTACT TTCCGTGGAG TTAGGCAACG

88 : GAAGCGACGT TA-----CAGAGAT--G GGAG--GAA--GAAGGA-TT GCGAGAGCT
** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
120 : GACTTGGGGT AAATGGGTGG CTGAGATCCG TGAGCCTAAC CGTGGGACTC GTCTCTGGCT

133 : CGTAGGGTTC AA-----GC CAAAGGTT-C GAAGAA-----AGGTT
** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
180 : CGGCACGTTT AATACCTCGG TCGAGGCCCG CATGGCTTAC GATGAAGCCG CTAAGAAACT

167 : GTATG--A GAGG-AAA-----AGGT GGACC--A GAGAATC-C TGTTGTGCG-
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
240 : CTATGCAGAC GAGGCTAAAC TCAACTTGGT GCACCCACAA CAACAACAAC AAGTAGTAGT

207 : GTTTAGA--GGTGT--CGACAAAGG GT-----T TGGG--GGAA ATGGGTTGCT
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
300 : GAACAGAAAC TTGTCTTTT CTGCCACCG GTGGGTTCT TGGGTTATA ATAAGAAGCT

250 : GAGATACGTG AACCACTGAG TCACCGTGGT ---GCAAACT CTAGTCGTAG TAAACGGCTT
**** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
360 : -CGATATG-G TTCATGGGTT GGACCTTGGT CTCGCCAGG CAAGTTGT-T CACGAGGTTG

307 : TGGCTTGG--CACGTT TGCTAC-TGC AGCTGAAGCT GCTTTGGCTT ACGACAGAGC
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
417 : TTGCTCAGAG AGATCGAGTT TTCTACAAGA AGATGATGAT -CATAGTCAT A----ATCGA

360 : TGCTAGT-GT CA--TGTACC GACCCTATGC CAGGTTAAAT TTCCCGGAAG ATTTGGGTGG
** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
472 : TGTTCGTCTT CAAGTGGTTC GAATCTTTG- TTGTT--AT TACCTAAACA AAGTGATTCA

417 : GGGAAAGGAAG AAGCAG--AGGAGGCCGA AAGTTCGGGA GGCTATTG-G TTGAAACT-
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
529 : CAAGATCAAG -AGACCCTTA ATGCTACGAC TAGTTATGGC GGTGAAGCGG GTGCTGGCTC

472 : AACAAAGCCG GTAATGGCGT GATTGAAACG GAAG--GTGG AAAAG-----ACTATGATG
** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
588 : TACGTTAAGC TTTTCGACCA ATTTGAAACC AAAGAATTG ATGAGTCAGA ATTATGGATT

```

【図 4-35】

-0010181

```

525 : CTACAATGAA G---ACGCTA ---TTGAGCT TGGCCATGAC AAGA-----
      ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
648 : ATACAATGGA GCTTGGTCTA GGTTCCTGT GGGGCAAGAA AAGAAGACGG AACATGACGT

563 : CTCA----- --GAATCCT ATGACTGATA ATGA-AATA- GT--GAACCC AG-----
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
708 : GTCATCGTCG TGTGGATCGT CGGAC-AACA AGGAGAGTAT GTTGGTTCCT AGTTGCGGCG

602 : --CAGTGAAA TCAGAGGAAG --GTT--AC AGC---TATG ATCGATTCAA A-----
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
767 : GAGAGAGGAT GCATAGGCCG GAGTTGGAAG AGCGAACAGG ATATTGGAA ATGGATGATC

643 : --TTGCATAA CG--GATTGT TGTATAATGA ACCTCAAAGC TCCAGTTATC ACCA--GGGA
      ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
827 : TTTTGAGAT TGATGATTTA GGTTCCTTGA TTGGCAAAA TGGAGATTTC AAGAATTGGT

697 : GGTG-GATTC GATTCATATT TTGAGTATTT CAGATTCTAG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
887 : GTTGTGAAGA GTTCAACAT CCATGGAATT --GGTTCGA

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.nuc
Size            : 735
Matching Position : 1 - 735

```

```

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Not         : 2

Matching     : 48.72 [%]
Weight       : 93

```

```

1 : AT-----GGA AAAGGAAGAT AACGGATCGA A-AC-AGA-G CTCCTCTGCT TCTGTGTAT
  **   *** ** ***** * ** * ** * ** * ** * ** * * * * *
1 : ATGCCCAGGA AACGGAAG-T CTCG--TGGA ACACGAGATG TAGCTGAGAT TCTAAGGAA-

53 : CCTCGAGAAG ACGAAGAAGA GTGGTTGAGC CAGTGAAGC GACGTTACAG AGATGGGAGG
  * *** ** * * * * * ** * * * * * * * * * * * * * *
57 : -ATGGAG-AG AGTACAATGA G-----CAGA CCGAGGCAGA TTC-TTGCAT CGATGC--

113 : AAGAAGGATT GCGGAGAGCT CGTAGGGTTC AAGCCAAAGG TTCGAAGAAA GGTGTATGA
  * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
105 : -TGGTGGTTC AAAACCAATC CGAAAGGCTC CTCCAAAACG TTCGAGGAAG GGTGTATGA

173 : GAGGAAAAGG TGGACCAGAG AATCCTGTTT GTCGGTTTAG AGGTGTTCCA CAAAGGGTTT
  *** ***** ** *** ** * * * * * * * * * * * * *
164 : AAGGTAAAGG TGCACCTGAA AATGGGATTT GTGACTATAC AGGAGTTAGA CAGAGGACAT

233 : GGGGAAAATG GGTTCCTGAG ATACGTGAAC CAGTGAGTCA CCGTGGTGCA AACTCTAGTC
  **** ***** ***** ** ***** * *** *** *****
224 : GGGGTAAATG GGTTCCTGAG ATCCGTGAGC CAG-----G CCGAGGTGC- -----

293 : GTAGTAAACG GCTTTGGCTT GGCACGTTTG CTACTGCAGC TCAAGCTGCT TTGGCTTACG

```

```

0010181
***      * * * * * ** * * * *** * ** * * * * * * * * * *
267 : ---TAA--- GTTATGGCTC GGTACTTCT CTAGTTCATA TGAAGCTGCA TTGGCTTAGT

353 : ACAGAGCTGC TAGTGTCATG TACGGACCTT ATGCCAGGTT AAAATTCCCG GAAGATTGG
*      *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
320 : ATGAGGCTTC CAAAGCTATT TACGGTCAGT CTGCCCAGCT CAATCTTC- -----

413 : GTGGGGGAAG GAAGAAGGAC GAGGAGGCGG AAAGTTCGGG AGGCTATTGG TTGGAAACTA
***      **      * * * * * * * * * * * * * * *
369 : -----AC-----TGCTG CCACTGTGTC AGGC---TCGG TT---ACT-

473 : ACAAAGCGGG TAATGGCGTG ATTGAAACGG AAGGTGGAAG AGACTATTGA GTCTACAATG
**      **      ** * * * * * * * * * * * * * *
399 : ---GC--- -ATTTCTG A-TGAATCTG AAG----- -TTGT- -----

533 : AAGACGCTAT TGAGCTTGGC CATGACAAGA CTCAGAAATCC TATGACTGAT AATGAAATAG
**      ****      *** * * * *
426 : ---GCAG TGAG----- -GAT A---CAAA-

593 : TGAACCCAGC AGTGAATCA GAGGAAGGTT ACAGCTATGA TCGATTCAAA TTGGATAACG
** * * * * * * * * * * * * * * *
444 : ---GC A---AGATC- ---TG GTT -TTGGTCAGA TC---TCTAA CT---TCTCG

653 : GATTGTTGTA TAATGAACCT CAAAGCTCCA GTTATCACCA GGGAGGTGGA TTGGATTCA
** ** * * * * * * * * * * * * * * *
480 : CAT---TTCCA AAATG---T TAA---GTCCA ---ATAAC---TGCA TTGG-----

713 : ATTTTGACTA TTTCAGATTC TAG
** ***      * * * *
515 : ---TTAAGTT GGGCGCTTAC TAG

```

```
Sequence 1      : DREB2F.nuc
Size           : 834
Matching Position : 1 - 834
```

```
Sequence 2      : DREB26.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924
```

Matches	:	-1
Mismatches	:	1
Gaps	:	1
*Nt	:	2
<hr/>		
Matching	:	54.15 [%]
Weight	:	19

```

1 : ATGG-AGAA- ATCATCTC-----AA TGAACAATG GAAG-----AAGGGTCCT
    ****      * **      **          ***** * * **      ** *** *
1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAAACATGG GAGATCTAG AAAAGGT--T
    ****      * **      **          ***** * * **      ** *** *

43 : GCTCG---GGG TAAAGCGGGT CCACAAAAAG CTCCTTTGTCA GTACCCTGGA GTCAGGCCAA
    ** *      ** *****      ** * **** *   *   **** ** *****
59 : GCATGAAAGC TAAAGCGGGT CCAGAGAAGC CCAACGTGAC TTTCCTGGA GTTAGGCCAAC
    ****      * **      **          ***** * * **      ** *** *

101 : GGACTTGGGG CAAATGGGTC GCTGAGATCA CAGAGCCCAA GAAGAGGGCA AACTTTGGC
    *****      *****      ***** *   ***** ** *   * ** *****

```


【図 4-37】

0010181

```

119 : GGACTTGGGG TAAATGGCTG GCTGAGATCC GTGAGCCTAA CCGTGGGACT CGTCTCTGGC
161 : TTGGCTCTTT CGCTACAGCT GAAGAAGCAG CTATGGCTTA TGATGAGGCT GCCTTGAAAC
    * *** * **   *** * * ** ** * * **** * * ** *
179 : TCGGCAGGTT TAATACCTCG GTCGAGGCCG CCATGGCTTA CGATGAAGCC GCTAAGAAAC

221 : TCTATGGGCA CGACGCATAC CTCAACTT-- -----ACC TCATCTTCAG C-----
    ***** ** *** ** * *****   ** ** * ** *
239 : TCTATGGACA CGAGGCTAAA CTCAACTTGG TGCACCCACA ACAACAACAA CAAGTAGTAG

263 : GGAATACAA-- --GACCTTC TCTGAGTAAC --TC---T C-AGAGGTTT AAATGGGTAC
    *** * **   * * ** **** * **   ** * * * * ** *** *
299 : TGAACAGAAA CTTGTCTTTT TCTG-GCCAC GGGTCGGGTT CTTGGGCTTA TAATAAGAAG

311 : CTTCAGGAA GTTTAT---- --ATCTATG TTTCTTCAT G--TGGTATG CTAAACGTGA
    * ** *   *** **   * ** * * ** ** * * * * * * **
358 : C-TCGATATG GTTCATGGGT TGGACCTTGG TCTCGGCCAG GCAAGTTGTT CACGAGGTTT

362 : ATGCTCAGCC TAGTGTTCAC ATAATCCAGC AAAGACTAGA AGAACTCAAG AAAACTGGAC
    ***** ** * **   * ** * * ** * ** ** * * * * **
417 : TTGCTCAG-- --AGAGATCGA GTTTTCTA-C AAGAAGATGA TGATCATAGT CATAATCGAT

422 : TTTATC-TC AA---TCCT ATTCTT--CT AGTCTT-CC TCCACCGAAT CAAAACTAA
    ** ** ** ** * * * **** * * ** ** * * ** * * * *
473 : GTTCGTCTTC AAGTGGTTCG AATCTTTGTT GGTATTACC TAAACAAAGT GATTACAAG

474 : TACTAGCTTT C-TTGATGAG AAGACCAGCA AGGGAGAAAC AGACAAT--- --ATGTTG-
    * **   * ** *** * *** ** * ** *   ** * *   * **
533 : ATCAAGAGAC CGTTAATGCT ACGACTAGTT ATGGCGGTGA AGGCGGTGGT GGTCTACGT

527 : -AAGGTGGT- GATC-AGAAG AAACCAGAGA --TCGACCTG ACCGAGTTTC TTCAGCA-AC
    ** ** * * * * * **** * ** * * ** * * ** * * **
593 : TAACGTTTTT GACCAATTTG AAACCAAGA ATTTGATGAG TCAGA-ATTA TGGATTATAC

581 : TAGGAATCTT G---AAGGAT GAAAATGAAG CAGAACCAAG TGAGGTAGCA -GA-GTGTCA
    * * * * * * * * *   * ** * * * *   * ** * * ** *****
652 : AATGGAGCTT GGTCTAGGTT TCTGTGGGG CAAGAAAAGA AGACGGAACA TGACGTGTCA

636 : T--TCCCTC CACCATGGAA CGAGCAAGAA GAACTGGAA GTCCTTTCAG AACTGAGAAT
    * ** * * * * * * * * * **** * ** * * ** * * ** *
712 : TCGTGTGTG GATCGTCGGA C-AACAAGGA GA---GTAT GTTGTTTC-- --CT---AGT

694 : TTCAGCTGGG ATACCTGAT CGAGATGCCA AGAAGTGAAA CCACAACTAT GCAATTTG--
    * * ** * * * *   *** * * **   ** ** **   * * * * ****
760 : TCGCGCGGAG AGA---GGAT GCATAGGCC- GGAGTTGGAA GAGCGAAGAG GATATTGGA

752 : ACTCCAGCAA CTTCCGAAGC T--ATGATT- -----TTG A--GG--ATG ATGTATCCTT
    * * * * * *** * ** * *****   *** * ** * *** * **
816 : AATGGATGAT CTTTGGAGA TTGATGATT AGCTTTGTTG ATTGGCAAAA ATGGAGATT

798 : C---CCTTCC ATCTGGG-- -----ACT ACTACGGAAG CTTAGAT-TG A
    * **   * **   ** * * **** * * * * **
876 : CAAGAATTGG TGTGTGAAG AGTTTCAACA TCCATGCAA- -TTGGTTCTG A

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2F.nuc
Size            : 834
Matching Position : 1 - 834

Sequence 2      : DREB2H.nuc

```

【図 4-38】

0010181

Size : 534
Matching Position : 1 - 534

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 41.63 [%]
Weight : 254

```

1 : ATGGAGAAT CATCCTCAAT GAAACAATGG AAGAAGGCTC CTGCTCGGGG TAAAGGCGGT
   ***          * * ***** ** ***          **** ** **
1 : ATG----- ---CCCAG GAAAC---GG AAG----- -TCTCGTGG -AA-----

61 : CCACAAAACG CTCTTTGTCA GTACCGTGGG GTCAGGCAAA GGAAGTGGGG CAAATGGGTG
   *** * *      ***      * ** * * * ** **      *****
29 : -CAGGAGA- ---TGT- ---AGCTGA G-ATTCTAA GG----- -AAATGG-

121 : GCTGAGATCA GAGAGCCCAA GAAGAGGGCA AGACTTTGGC TTGGCTCTTT CGCTACAGCT
      * ***** ** * ***      ****      * * ****
61 : -----A GAGAGTACA- -ATGAG-C AGACCGAGGC -AGATTCTT- -----

181 : GAAGAAGCAG CTATGGCTTA TGATGAGGCT GCCTTGAAC TCTATGGGCA CGACGCATAC
      *** * **** ** **      ** ***      * * * * * * *
95 : -----GCAT CGATGG- TGGTG----- -GTTCAAAA CCAATCCGAA AGGCTCCT-C

241 : CTCAACTTAC CTCATCTTCA GCGGAATACA AGACCTTCTC TGAGTAACTC TCAGAGGTTG
      * ***          *** * ****          * * * * * * *
137 : CAAAAC----- GTTC- GAGGAA----- -GGGT-TGTA TGAAGGT-

301 : AAATGGGTAC CTCAAGGAA GTTTATATCT ATGTTTCCTT CATGTGCTAT GCTAA-ACG
      *** * * ** **      * * * * * * * * * * * * *
169 : AAAGGTGGAC CT-----GAA AATGGGATTT GTGACT-ATA CAGGAGTTAG ACAGAGGACA

359 : TGAATGCTCA GCCTAGTGT CACATAATCC AGCAAAGACT AGAAGAACTC AAGAAAACCTG
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * *
223 : TG-GGGTAA ATGGGTGCT GAGATCCGTG AGCCAGGCC- -GAGTGCT- AAG-----

419 : GACTTTTATC TCAATCCTAT TCTTCTAGTT CTTCCTCCAC CGAATCAAAA ACTAATACTA
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * *
271 : ---TTATGGC TCGTACT-T TC-TCTAGTT C----- -ATATGAA GCT-GCATTG

479 : GCTTTCTTGA TGAGAAGACC AGCAAGGGAG AAACAGACAA TATGTTGAA GGTGGTGATC
      ****      *** ***** ** * *** *      ** * * * * *
313 : GCTT--ATGA TGAGGCTTCC A--AAGCTAT TTACGGTCAG TCTGCCGA- -----C

539 : AGAAGAAACC AGAGATCGAC CTGACCGAGT TTCTTCAGCA ACTAGGAATC TTGAAGGATG
      ** ** * * *      *** **      ** * *** * * * *
359 : TCAATCTTCC ACTGCTGCCA CTGTGTCAG- -GCTCGGTT ACT-GCATT TT-CTGATG

599 : AAAATGAAGC AGAACCAAGT GAGGTAGCAG AGTGTCATTC CCTCCACCA TGAACGAGC
      ** ***** ** ** *****      **      **      * **
412 : AATCTGAAGT TTGTGCACGT GAGG----- -AT- -AC- -AAATGC

659 : AAGAAGAAAC TGAAGTCCT TTCAGAACTG AGAATTTGAG CTGGGATACC CTGATCGACA
      *** * * ***      * * * * * * * * * * * * *
446 : AAG---ATC TGG-----T TTTGG---TC AG-ATCTC- -TA-A CTTCTCGCAT

```

【図 4-39】

-0010181

```

719 : TGCCAAGAAG TGAACCACA ACTATGCAAT TTGACTCCAG CAACTTCGGA AGCTATGATT
    * ****          ***   ** * ****   ****   **   ***
483 : TTCCAA-----AATG---TTAAGTCCAA TAACT---GC---ATT

779 : TTGAGGATGA TGTATCCTTC CTTCCATCT GGGACTACTA CGGAAGCTTA GATTGA
    * * * **          * *** * * *   ** *
513 : ---GGTTA AGT-----T GGGGC-GTTA C-----TA G-----

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2G.nuc
Size            : 924
Matching Position : 1 - 924

```

```

Sequence 2      : DREB2H.nuc
Size            : 534
Matching Position : 1 - 534

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatch          : 1
Gaps              : 1
*NT              : 2

Matching          : 38.38 [%]
Weight            : 325

```

```

1 : ATGGAAGAAG AGCAACCTCC GGCCAAGAAA CGAACATGG GGAGATCTAG AAAAGGTTGC
  **          * *** **** ** **   * * * *   * * * *
1 : AT-----GCCCAGGAAA CGGAAGTCTC GTGGAAC-AC GAGATGTAGC

61 : ATGAAAGGTA AAGGCGGTCC AGAGAACGCC ACBTGTACTT TCCGTGGAGT TAGGCAACGG
   *** *   **** *   ****   ****   * * *   ***** *
42 : -TCAGATTCT AAGGAAATGG AGAGA-----GTACAA TGAGCAGACC GAGGCA---G

121 : ACT-TGGGCT AAATGGGTGG CTGAGATCCG TGAGCCTAAC CGTGGGACTC GTCTCTGGCT
   * * * *   ** ***** ** * **   * ** * *   ** * * *   **
89 : ATTCTTGCAT CGAT-GGTGG -TG-GTTC- AAAACCAATC CGAAGGCTC -----CT

180 : CCGCAGCTTT AATACCTCGG TCGAGGCCCG CATGGCTTAC GATGAAGCCG CTAAGAAACT
   * **   **   **   *****   * ** **   ** * * *
136 : C-CA-----AA---ACGT TCGAGG-----AAGGTT-----GTATGAAA-

240 : CTATGGACAC GAGGCTAAAC TCAACTTGGT GCACCCACAA CAACAACAAC AAGTAGTAGT
   * ****          *** * ***
166 : -----GGTAAA-----GGT GGACC-----T

300 : GAACAGAAAC TTGTCTTTT CTGGCCACGG GTCGGGTTCT TGGGCTTATA ATAAGAAGCT
   **   ***          *** * *   ** *   ****   ** * *
181 : GA---AAA-----TGGGAT-T TCTGACTATA -CAGGAGTT

360 : CGATATGTT CATGGGTTGG ACCTTGGTCT CGGCCAGGCA AGTTGTTTAC GAGGTTCTTG
   ** * *   ***** *   ***   **** *   *** * * *
211 : AGACAGAGGA CATGGGTTAA A---TGG-----GTTGCT---GAGATCCGTG

420 : CTCAGAGAGA TCGAGTTTTC TACAAGAAGA TGATGATCAT AGTCATAATC GATGTTCTGC
   ** **   ****          * **   ***
251 : ---AGCCAGG CCGAG-----GTGCTAA---GTT-----

480 : TTCAAGTGGT TCGAATCTTT GTTGGTTATT ACCTAAACAA AGTGATTCAC AAGATCAAGA

```

【図 4-40】

0010181

```

273 : ---ATGGC TCGGTACTTT CT---CTA---
          ***   ***   ****   *   ***
          |   |   |   |   |   |   |   |
540 : GACCGTTAAT GCTACGACTA GTTATGGCGG TGAAGGCGGT GGTGGCTCTA CGTTAACGTT
          ***   *   ****   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
293 : ---GTTCA- - - - -TATG- - - -AAGCTGC ATTGGCT-TA TGATGAGGCT
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
600 : TTCGACCAAT TTGAAACCAA AGAATTTCAT GAGTCAGAAT TATGGATTAT ACAATGGAGC
          *   ****   **   **   *   *   *   *   *   *   *   *   *
328 : T- - - - -CCAA AGCTATTTAC G-GTCAG- - -TCTGCCCGAC TCAAT- - -C
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
660 : TTGCTCTAGG TTTCTTGTGG G6CAAGAAAA GAAGACGGAA CATGACGTGT CATCGTCGTG
          **   **   *   *   *   **   *   *   *   *   *   *   *   *
365 : TTCCACT-G CTGCCACTGT GTCAGG- - -CTCGG- - -TTAC-TG- CATTTCCTCA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
720 : TGGATCGTCG GACAACAAGG AGAGTATGTT GGTTCCTAGT TCGGCGGAG AGAGGATGCA
          **   ***   *   *   ***   ***   **   *   *   *   *   *
410 : TGAATC- - - - -TC A-AGTTTGT- - - - -GC-ACG TGAGGATACA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
780 : TAGGCCGGAG TTGGAAGAGC GAACAGGATA TTTGGAATG GATGATCTTT TGGAGATTGA
          *   **   ****   *   **   *   **   *   **   *   **   *
441 : AA- - - - -TGCAAGATC - - - - -TG G- - - -TTT TGGTCA-GA
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
840 : TGATTTAGGT TGTGTGATTG GCAAAAATGG AGATTTCAAG AATTGGTGTG GTGAAGAGTT
          *   *   **   **   *   *   *   *   *   *   *   *   *   *
466 : T-CTCTA-AC TTCTCGCATT TCCAAAATGT TAAGTCCAAT AACTGCATTG GTTAAG- - -
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |
900 : TCAACATCCA TGGAAATTGGT TCTGA
          *   *   *   *   *
520 : - - - - -TTGGGGCGTT ACTAG
          |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |

```

【図 5-1】

0056504

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa
Size : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2B.aa
Size : 330
Matching Position : 1 - 330

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 53.30 [%]
Weight : 6

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TYAERLKRWK EYNETVE--- --EVSTKKRK
**** * * * **** * * * * * * * * * * * * * * * *
1 : MAVYEQ---- --TGTEQPKK RKSRRARAGGL TVADRLKRWK EYNEIVEASA VKEGENPKRK

56 : VPAKGSKKGC MKGKGGPENS RCSFRGVRQR IWGKWVAEIR EPNRGSRLWL GTFPTAQEAA

55 : VPAKGSKKGC MKGKGGPDNS HCSFRGVRQR IWGKWVAEIR EPKIGTRLWL GTFPTAEKAA

116 : SAYDEAAKAM YGRLARLNFP RSDASEVTST SSQSEVCTVE ----TPGCVH VKTEDPDCE

115 : SAYDEAATAM YGSLARLNFP QSVGSEFTST SSQSEVCTVE NKAVVCGDYC VKHEDTDCES

172 : KPF----- --SGGVEPMY CLENGAEEMK RGVKADKHWL SEFEHNYWSD ILKEKEKQK-
*
175 : NPFQILDVR EESCGTRPDS C-TVGHQDMN SSLNYD--LL LEFEQQYWGQ VLQEKEKPKQ

222 : -----EQGIV ETCQQQ-QQD SLSVADYGWP --ND--VDQS HLDSSDMFDV DELLRLNQG
*
232 : EEEEIQQQQ EQQQQLQPD LLTVADYGWP WNDIVNDQT SNDPNECFDI NEILLGDLN-

272 : DVFAGLNQDR YPGNSVANGS YRPESQQSGF DPLQSLNYGI PPFQLEGKDG NGFFDLSYL
*
290 : --EPGPHQ-S QQQNHVNSGS -----YDL HPLHLEPHDG -HEFNGLSSL

332 : DLEN
*
329 : D--I

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa
Size : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2C.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

【図 5-2】

0056504

Matching : 36.83 [%]
Weight : 128

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS -----TKK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- --PSEIVDRK RKSRTGRD-- -VAEILRQWR EYNEQIEAES CIDGGGPKSI

54 : RKVPAGSKK GCMKGKGPE NSRCSFRGVR QRIWGWVAE IREPHRSRL WLGTFPTAQE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
47 : RKPPPKGSRK GCMKGKGPE NGICDYRGVR QRRWGWVAE IREPDGGARL WLGTFSSSYE

114 : AASAYDEAAK AMYGLARLN FPRSDASEVT STSSQSEVCT VETPGCV--- HVKTEDPDCE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
107 : AALAYDEAAK AIYGQARLN LP---EIT NRSS-STAAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE

171 : SKPFSGGVEP MYCLENAGEE MKRGVKADKH WLSEFEHNYW SDILKEKEQK KEQGIVETCQ
  * *      *      *      *      *      *      *      *      *
161 : DTNASSG-FG QVKLEDCSDE ---YVLLDSS QCIKEE--- --LKGKEEV REEHNLAVER

231 : QQQQDS---- LSVADYGWPH DVDQSHLDSS DMFDVDELLR DLNCDV--- -FAGLNQDRY
  * * *      *      *      *      *      *      *      *      *
210 : GIGQDSKRET LDWLMGNGW EQEPLFEGVD ETFDINELLG ILNDNNVSGQ ETWQYQVDRH

283 : P-----G NSYANGSYRP -ESQSGFD- -----PLQS LNYGIPPFQL ECKD---GNG
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
270 : PMFSYQTQFP NSMLGSLNP MEIAQPGVDY GCPYVQPSDM ENYGIDLHR RFNOLDIQDL

324 : FFDDLSYLDL EN
  *
330 : DFGGDKDVHG ST

```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa
Size : 335
Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2D.aa
Size : 206
Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*N+ : 2

Matching : 28.96 [%]
Weight : 167

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKRKVPAGK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- --SSIE PKVMMVG-- -----AN KKQRTVQA-S

61 : SKKGCMMKGG GPENSRCSEF GVRQRIWGW VAEIREPHRG SRLWLGTFPT AQEAASAYDE
  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
24 : SRKGCMMKGG GPDNASCTYK GVRQRTWGW VAEIREPHRG ARLWLGTFDT SREAALAYDS

121 : AAKAMYGLA RLNFPRSDAS EVTSTSSQSE VCTVETPGCV HVKTEDPDCE SKPFSGGVEP
  * * * * * * * * * * *      *      *      *      *

```

【図 5-3】

0056504

```

84 : AARKLYGPEA HLNLPESLRS YPKTASS--- PASQTPSSN TGGKSSSDSE S-PCS---
181 : MYCLENAGEE MKRGVKADKH WLSEFEHNYW SDILKEKEKQ KEQGIVETCQ QQQQDLSVA
      * * * * *
135 : -----SNE M-----S SCGRVTEEIS WEHINV-----DLPVM
241 : DYGWPNDVDQ SHLDSSDMFD VDELLRLNG DDVFAGLNQD RYPGNSVANG SYRPESQQSG
      * * * * *
161 : D-----DSS---I WEEATMSLGF PWVHEGDN-----DISR
301 : FDPLQSLNYG IPPFQLEGKD GNGFFDLSY LDLEN
      * * * * *
188 : FDTCLIS-----GGYSNRDSFH SPL--

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.aa
Size            : 335
Matching Position : 1 - 335

```

```

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatches   : 1
Gaps         : 1
*H+          : 2

Matching      : 34.20 [%]
Weight       : 143

```

```

1 : MAYVDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDDT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  * * * * *
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVSSR ---RRRRVVE PVEATLQRW---EEEGL ARARRVQAG
61 : SKKGCMKGKG GPENSRCFSR GVRQRIWGW VAEIREP---NRGSR LWLGTFTPAQ
     ***** * * * * *
52 : SKKGCMRGKG GPENPVCRFR GVRQRVWGW VAEIREPVSH RGANSSRSKR LWLGTFTATA
113 : EAASAYDEAA KAMYGPLARL NFPRSDASEV TSTSSQSEVC TVETPGCVHV KTEDPDCEK
     *** * * * *
112 : EAALAYDRAA SVMYGPYARL NFP-----EDLGGRK K-DEEAE-
173 : PFSGGVEPHY CLE-NGAEEM KRGVKADKHV LSEFEHNYWS DILKEKEKQ EQGIVETCQ
     *** * * * *
150 : -SGG--Y WLETKA-- GNGV-----IETEGGK DYVVYNDAI ELGHDKT-QN
232 : QQQDLSVAD YGWPNDVDQS HLDSDDMFV DILLRLNGD DVFAGLNQD RYPGNSVANGS
     * * * * *
191 : PMTDNEIV--NPAVKSE EGYSYDRFKL D-----NGL
292 : YRPESQQSGF DPLQSLNYG! PPFQLEGKDG NGFFDLSY- LDLEN
     * * * * *
220 : LYNEPQSS--SYHQG-----GGFD--SYF EYFRF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2A.aa
Size            : 335
Matching Position : 1 - 335

```

【図 5-4】

0056504

Sequence 2 : DREB2F.aa
 Size : 277
 Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 N : 2
 Matching : 27.71 [%]
 Weight : 176

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : M----- EKSS-----MKQ

61 : SKKGCWKKGK GPENSRCSEF GVRQRIWGWK VAEIREPNRG SRLNLGTFPT AQEAASAYDE
   **  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
10 : WKKGPARGKG GPQNALCQYR GVRQRTWGWK VAEIREPKKR ARLWLGSFAT AEEAAMAYDE

121 : AAKAMYGLA RLNFPRSDAS EVTSTS-SQ-----SEVCT VETPGC-----VHVKTE
   **  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
70 : AALKLYGHDA YLNLPHLQRN TRPSLSNSQR FKWPVSRKFI SMFPSCGMLN VNAQPSVHII

166 : DPDCSEKPFK GGVEPMYCLE NGAEEWKRGV KADKHWLSEF EHNYWSDILK EKEKQKEGGI
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
130 : QQRLEELKKT GLLSQSYSSS SSSTE----S KTNTSFLDEK TSKGETDNMF EGGQKKKPEI

226 : VETCQQQQQD SLSVADYQWP NDVDQSHLDS SDMFQVDELL RDLNGDDVFA GLNQDRYPGN
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
186 : DLTEFLQQLG ILKDENEAEF SEVAECH--S PPPWMEQEET GSPFRTEFNS WDTLIEMP--

286 : SVANGSYRPE SQSGFDPLQ SLNYGIPPFQ LEGKDGNGFF DDLSDLEEN
   *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
242 : -----RSE TTTMQFD-- SSNFGSYDF--EDDVSEF SIWDYVGLD
  
```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa
 Size : 335
 Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2G.aa
 Size : 306
 Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 N : 2
 Matching : 26.12 [%]
 Weight : 184

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRWK EYNETVEEVS TKKRKVPAGK
  *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
1 : -----EEEQ PPAKKRNQGR

61 : SKKGCWKKGK GPENSRCSEF GVRQRIWGWK VAEIREPNRG SRLNLGTFPT AQEAASAYDE
  
```


【図 5-5】

0056504

```

15 : SRKGCMKGGK GPENATCTFR GVRQRTWGWK VAEIREPNRG TRLWLGTFNT SYEAAWAYDE
121 : AAKAMYGLA RLN--FPRSD ASEV---TS TSSQSEVCTV ETPGCVHYKT EDPDCESKPF
    *** ** * ** * * * * *
75 : AAKKLYGHEA KNLVHPQQQ QVVVNRNLS FSGHSGSRA YNKKLDMVHG LDLGLGQASC
175 : SGGVEPMYCL ENGAEEMKRG VKADKHWLSE FEHNYWSDIL KEKEKQKEQG IVETCQQQQQ
    * * * * *
135 : SRG---SCS ERSSFLQEDD DHSHNRCSSS SGSNLCWLLP KQSDSQDQET VNATTSYGGE
235 : DSLSVADYGW PNDVDQSHLD SSDMFDVDEL LRDNLGDDVF AGLNQDRYPG NSVANGS---
    * * * * *
191 : GCGGSTLTFS TNLKPKNLMS QNYGLYNGAW SRFLVGQEKK TEHDVSSSCG SSDNKESMLV
292 : -----YR PE-SQSGFD PLQSLNYGIP PFQLEGKDG- --NGFFDLS YLDLEN
    * * * * *
251 : PSCGGERMHR PELEERTGYL EMDLLEIDD LGLLIGKNGD FKNWCCEEFQ HPNNWF
  
```

+++++

Sequence 1 : DREB2A.aa
 Size : 335
 Matching Position : 1 - 335

Sequence 2 : DREB2H.aa
 Size : 177
 Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2
 Matching : 28.07 [%]
 Weight : 170

```

1 : MAVYDQSGDR NRTQIDTSRK RKSRSRGDGT TVAERLKRNK EYNETVE--- --EVSTKK
    * * * * *
1 : M-----PRK RKSRTGTRD--VAEILRKWR EYNEQTEADS CIDGGGSKPI
54 : RKVPAKGSKK GCMKGGKGGPE NSRCSFRGYR QRIWGKWVAE IREPNRGSRL WLGTFTPAQE
    ** * * * *
42 : RKAPPKRSRK GCMKGGKGGPE NGICDYTGVR QRTWGWKVAE IREPGRGAKL WLGTFSSEYE
114 : AASAYDEAAK AMYGPLARLN FPRSDASEVT STSSQSEVCT VETPGCVHYK TEDPDCEKSP
    ** * * * *
102 : AALAYDEASK AIVGQSARLN LP----- --LLPLC---
174 : FSGGVEPMYC LENGAEEMKR GVKADKHWLS EFEHNYWSDI LKEKEKQKEQ GIVETCQQQQ
    * * * *
129 : -----QARLL HFLMN-----LK-----FVHVRIQMQ
234 : QDSLVSADYG WPNDVDQSHL DSSDMFDVDE LLRDNLGDDV FAGLNQDRYP GNSVANGSYR
    * * * *
150 : DLVL-----VRSLTS RISKMLSPIT AL----- --VKLGRY-
294 : PESQSGGFDPL QSLNYGIPP FQLEGKDGNG FFDDLSYLDL EN
178 : -----
  
```

【図 5-6】

0056504

++++

Sequence 1 : DREB2B.aa
 Size : 330
 Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2C.aa
 Size : 341
 Matching Position : 1 - 341

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2
 Matching : 33.62 [%]
 Weight : 134

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRAR AGGLTVADRL KKWKKEYNEIV EASAVKEGK PK--RKVPAK
  * **** * ** * * **** ** * ** **
1 : M---PSEI VDRKRKSR--GTRDYAEIL RQWREYNEQI EAESCIDGGG PKSIRKPPPK

59 : GSKKGCMKGK GGPDSHCSF RGYRQRIWGK WVAEIREPKI GTRLWLGTFF TAEKAASAYD
  ** **** * * **** * **** * **** **
53 : GSRKGCMKGK GGPENGICDY RGYRQRRWGK WVAEIREPDG GARLWLGTFS SSYEAALAYD

119 : EAATAMYGSL ARLNFP-- -----QS VGSEFTSTSS QSEVCTVENK AVVCGDVCVK
  *** * ** **** * * * * **** * *
113 : EAAKAIYQGS ARLNLPEITN RSSSTAATAT VSGSYTAFSD ESEVCAREDT NASSGFGQVK

167 : HEDTDCESNP FSQILDVREE SCG---TRP DSCTVGHQDM NSSLNYDLLL EFEQYWGQV
  ** * ** * ** * ** * *
173 : LEDCSDEYVL LDSSQCIKEE LKGKEEVREE HNLAVGFGIG QDSKRETIDA WLMGNGNEQE

223 : LQE---KEKP KQEE---EEI QQQQEQQQQ QLQPDLLTVA DYGPWPSNDI VNDQTSWDPN
  * * * * * * * * * *
233 : PLEFGVDETf DINELGILN DNNVSGQETM QYQVDRHPNF SYQTQFPN-- SNLLGSLNPM

277 : ECFDINELLG DLNEPGPHQS QQQNHVNSGS YDLHPLHLEP HDGHEFNGLS SLDI
  * * * * *
291 : E---IAQPGV DYGCPYVQPS DMENYGIOLD HRRFNDLDIQ DLDGFGDKDV HGST
  
```

++++

Sequence 1 : DREB2B.aa
 Size : 330
 Matching Position : 1 - 330

Sequence 2 : DREB2D.aa
 Size : 206
 Matching Position : 1 - 206

Matching Condition.

Matches : -1
 Mismatches : 1
 Gaps : 1
 *Nt : 2
 Matching : 28.48 [%]
 Weight : 166

【図 5 - 7】

-0056504

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
  * * * * *
1 : MSSIE-----PK-----VMMV GA-----NK KQRTVQA-SS

61 : KKGCMKGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGNV AEIREPKIGT RLWLGTFPTA EKAASAYDEA
  **** * * * * *
25 : KKGCMRGKGG PDNASCTYKG VRQRTWGNV AEIREPNRGA RLWLGTFDTS REAALAYDSA

121 : ATAMGSLAR LNFQSVGSE FTSTSSQSEV CTVENKAVVC GDVCVKHEDT DCESNPFSQL
  * * * * *
85 : ARKLYGPEAH LNLPELSRY PKTASS-----PASQ-

181 : LDVREESCGT RPSCTVGHQ DMNSSLNYDL LLEFEQQYWG QVLQEKEPK QEEEEIQQQ
  * * * * *
115 : -----T TPSSNTGG--KSSDSESP CSSNEMSSCG RV-----TEEI-----

241 : QEQQQQLQP DLLTVADYGH PWSNDIVNDQ TSWDPNECFD INELLGDLNE PGPHSQQQN
  * * * * *
149 : ---SWEHIN VDLPMDDSS INEATMSLG FPWVHEGND I---SRFDTCI SGGYSNWDSE

301 : HVNSGSYDLH PLHLEPHDGH EFNGLSSLDI
  * * * * *
203 : H-----SPL--

```

++++

```

Sequence 1      : DREB2B.aa
Size            : 330
Matching Position : 1 - 330

```

```

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

Matching Condition.

```

Matches      : -1
Mismatch     : 1
Gaps         : 1
*Not*        : 2
Matching     : 29.20 [%]
Weight       : 161

```

```

1 : MAVYEQTGTE QPKKRKSRR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
  * * * * *
1 : N-EKEDNG--SKQSSA--SVVSSRRR RRVPEVEAT LQRWEEGLA RARRVQAKGS

61 : KKGCMKGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGNV AEIREP----KIGTRL WLGTFTAEK
  **** * * * * *
53 : KKGCMRGKGG PENPVCFRG VRQRVWGNV AEIREPVSHR GANSSRSKRL WLGTATAAE

113 : AASAYDEAAT AMYGLARLN FPQSVGSEFT STSSQSEVCT VENKAVVCGD VCVKHEDTDC
  ** * * * *
113 : AALAYDRAAS VMYGPYARLN FP-----

173 : ESNPFSQLD VREESCGTRP DSCTVGHQDM NSSLNYDLLL EFEQQYWGQV LQEKEPKQE
  * * * * *
135 : EDLGGGRKKD EEAESSG-----GYNL ETNKAGNGVI ETEGGKDYVY

233 : EEEIQQQQE QQQQLQPD LTVADYGPW SNDIVNDQTS WDPNECFDIN ELLGDLNEPG

```

```

                                0056504
176 :  YNEDATIELGH DKTQNPMTD-----NEIVNPAVK SEEGYSYDRF KLONGL-----
      *      *      *      *      *
293 :  PHQSQQNHV NSGSYDLHPL HLEPHDGHEF -NGLSSLDI
      *      *      *      *
220 :  -----LYNEP QSSSY-----HGGGCF DSYFEYFRF

```

296 : SQDQNHVNSG SYDLHPLHLE PHDGHEFNGL SSLDI
* * * * *
249 : QED—SSNEG SYDEEDVSE P—SIWDDY GSID—

Matches	:	-1
Mismatches	:	1

【図 5-9】

0056504

```

Gaps          :      1
#Nt           :      2

Matching      :    26.35 [%]
Weight        :    185

1 : MAVYEQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EASAVKEGK PKRKVPKGS
   *  **
1 : -----EEE QP----- PAKKRNMGRS

61 : KKGCMKGKGG PDNSHCSFRG VRQRIWGWV AEIREPKIGT RLWLGTFTPTA EKAASAYDEA
   * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
16 : RKGCMKGKGG PENATCTFRG VRQRTWGWV AEIREPNRGT RLWLGTFTNTS VEAAMAYDEA

121 : ATAMYGLSLR LN--FPQSVG SEFTSTSSQS EVCTVENKAV VCGDYCVKHE DTDCESNPFS
   *  ** *  ** **
76 : AKKLYGHEAK LNLVHPQQQQ QVVVNRNLSF SGHGSGSWAY NKKLDMVHGL DLGLGQASCS

179 : QILDVREESC GTRPDSCTVG HQDMNSSLNY DLLLEFEQQY WQVLQEKEK PKQEEEEIQQ
   *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
136 : -RGSCSERSS FLQED-DDHS HNRCSSSSGS NLCWLLPKQS DSQDQETVNA TTSYGEGEGG

239 : QQQEQQQQQL QPDLLTVADY G--WPWS-----N DIVNDQTSWD PNECFDINEL
   *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
194 : GSTLTFSTNL KPNLMSQNY GLYNGAWSRF LVGQEKTEH DVSSSCGSSD NKESMLVPSC

285 : LG--DLNEP GPHQSQQNH VNSGSYDLHP LHLEPHD--GHEFNLSS LDI
   *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
254 : GGERMHRPEL EERTGYLEND DLLEIDDLGL LIGKNQDFKN WCCEEFQHPW NWF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2B.aa
Size            :    330
Matching Position :    1 - 330

```

```

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            :    177
Matching Position :    1 - 177

```

Matching Condition.

```

Matches         :    -1
Mismatch        :     1
Gaps            :     1
#Nt             :     2

Matching        :    28.92 [%]
Weight         :    160

```

```

1 : MAVYEQTGTE QPKRKRSRAR AGGLTVADRL KKWKEYNEIV EA--SAVKEG EKPKRKVPK
   *  * * * * *  *  ** *  ** * * * * *  **  *  ** * * *
1 : M----- -PKRKR-- -GTRDVAEIL RKWREYNEQT EADSCIDGGG SKPIRKAPPK

59 : GSKKCMKGK GPDNSHCSF RGVRQRIWGW WVAEIREPKI GTRLWLCTFP TAEKAASAYD
   * * * * * * * * *  *  * * * * * * * * * * * * * * * * *
48 : RSRKCMKGK GPFENGICDY TGVQRRTWGW WVAEIREPGR GAKLWLGTFS SSYEALAYD

119 : EAATAMYGLS ARLNFPQSVG SEFTSTSSQS EVCTVENKAV VCGDYCVKHE DTDCESNPFS
   ** * **  **** *
108 : EASKAIYGQS ARLNLP-----

```

【図 5-10】

0056504

```

179 : QILDVREESC GTRPDSCTVG HQDMNSSLNY DLLLEFEQQY WGQVLQEKEK PKQEEEEIQQ
124 : ----- ** * * * **
      --LLPLCQ-- --ARLLHFLMN LKFVHVRIQM

239 : QQQEQQQQL QPOLLTVADY GWPWSNDIVN DQTSWDPNEC FDINELLGDL NEPGPHQSQD
      * ** * ** * *
149 : Q----- --DL----- VLVRLTS----- --RISKML----- --SPI

299 : QNHVNSGSYD LHPLHLEPHD GHEFNGLSSL DI
      * * *
169 : TALVKLGRY- -----

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

```

```

Sequence 2      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatches    : 1
Gaps          : 1
*H+           : 2

Matching      : 29.03 [%]
Weight        : 167

```

```

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GGPKSIRKPP PKGSRKGCWK
  * * * * *
1 : MSS----- --IEPKVMVG ANKK--QRTV QASSRKGCMR

61 : GKGGPENGIC DYRGVRQRRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG
    **** * * * ***** ***** * * ***** ** ** **
31 : GKGGPDNASC TYKGVQRQW GKWVAEIREP NRGARLWLGT FDTSSREAALA YDAAARKLYG

121 : QSARLNLPEI TNRSSSTAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE DTNASSGFGQ VKLEDGSDY
     * ***** * ** * * * * *
91 : PEHLNLPE- ----- SLRSPKTAS SPAS----- QTPSSNTG- --GKSSD-

181 : VLLDSSQCIC EELKGKEEVR EEHNLAVGFG IGQDSKRETL DAWLMGNGNE QEPLEFGVDE
     * * * * *
129 : ---SESPCSS NEMSSCGRVT EE----- ----- --IS

241 : TFDINELLGI LNDNNVSGQE TMQYQVDRHP NFSYQTQFPN SHLLGSLNPM EIAQPGVDYG
     ** * * * **
150 : WEHINVDLPV MDDSSIWEEA TM----- --SL----- --G

301 : CPYVQPSOME NYGIDLHRR FNDLDIQDL FGDQDVHGS T
     * * * * *
175 : FPNV----- --HEGDNDISR F-DTCISGGY SNND-SFHSP L

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

```

【図 5-11】

0056504

Sequence 2 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Ht : 2

Matching : 30.29 [%]
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEA-ESCID GGPKSIRKP PPKSRKGCW
* * * * *
1 : MEKEDNGSKQ SS---SASVV SSRRRRVVE PVEATLQRWE EEGLARARRV QAKGSKKGCW

60 : KGKGGPENG I CDYRGVRQRW GKWVAEIRE P-DGGA---RLWLGT F SSSYEAAALY

58 : RKGKGPENPV CRFRGVRQRV GKWVAEIRE PVSHRGANSS RSKRLWLGT F ATAAEAALY

112 : DEAAKAIYGG SARLNLPEIT NRSSTAATA TVSGSVTAFS DESEVCARED TNASSGFGQV
* * * * *
118 : DRAASVMYGP YARLWFPE--- -DLGGGRKKD EEAE---SSG---

172 : KLEDSCSEYV LLDSSQCIKE ELKGKEEVRE EHNLA VGFGI GDQSKRETLD AWMGNGNEQ
* * * * *
152 : ---GYW L-----ETNKA---GN G---VIETEG GKDYVVYNE-

232 : EPLEFGVDET FDINELGIL NDNVSGQET MQYQVDRHPN FSYQTQFPNS NLLGSLNPWE
* * * * *
179 : DAIELGHDKT QNPMTDNEIV NPAVKS---E EGYSYDR---FKLD N-----

292 : IAQPGVDYGC PYVQPSDMEN YGIDLHRRF NDLDIQDLDF GGDQDVHGST
* * * * *
218 : ---GLLYNE P-QSSSYHQ GG-----GFDSYF ---EYFRF

+++++

Sequence 1 : DREB2C.aa
Size : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Ht : 2

Matching : 29.89 [%]
Weight : 172

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GGPKSIRKPP PKGSRKGCWK
* * * * *
1 : M-----EKS---SS WKQWKKGPAP

61 : KGKGPENGIC DYRGVRQRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYQ

【図 5-12】

-0056504

```

17 : GKGGPQNALC QYRGVRQRTW GKWVAEIREP KKRARLWLGS FATAEEAAMA YDEAALKLYG

121 : QSARLNLP-- -EITNRSST AATATVSGSV TAFSDESEVC AREDTNA--S SGFGQVKLED
      * ***      * * *      *      *      * * *      * *
77 : HDAYLNPLHL QRNTRPSLSN SQRFKWVPS- RKFISMFPSC GMLNVNAQPS VHIIQQRLE-

176 : CSDEYVLLDS SQCICEELKG KEEVREEHNL AVGFGIGQDS KRETLDARLM GNGNEQEPLK
      ** **      *      *      * * *      * * *      *
135 : ELKKTGLL-- SQ-----SYS SSSSSTESKT NTSFLDEKTS KGET--DNM FEGGDQKKPE

236 : FGVDETFDIN ELLGILNDNN VSGQETMQYQ V-DRHPNFSY QTQFPNSNLL GSLNPMEIAQ
      * *      * * * * *      * *      *      * *
185 : --IDLT-EFL QQLGILKDN ---EAEPSE VAECHSPPPW NEQ---EET GSPFRTENFS

295 : PGVDYGCPIYV QPSDMENYGI DLDHRRFNDL DIQDLDFGGD KDYHGS-T
      *      *      * *      * *      * *
234 : WDTLIEMPRS ETTTMOFSS NFGSYDFED- ---DVSFPSI WDYYGSLD

```

++++

```

Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

```

```

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306

```

Matching Condition.

```

Matches        : -1
Mismatchches    : 1
Gaps           : 1
*nt            : 2

Matching        : 28.25 [%]
Weight         : 174

```

```

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GPKSIRKPP PKGSRKGCNK
      * * *      *      *      * * *
1 : ----- EEE QPPA----- KKRN MGRSRKGCNK

61 : GKGGPENGIC DYRGVRQRRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
22 : GKGGPENATC TFRGVRQRTW GKWVAEIREP NRGTRLWLGT FNTSVEAAMA YDEAAKLYG

121 : QSARLNLP-- --PEITNR SSSTAATATV SGSVTAFSDE SEVCAREDTN ASSGFCQVKL
      * ***      ** *      *      *      * *
82 : HEAKLNLVHP QQQQVVVYNR NLSFSGHGSQ SWAYNKKLDH VHGLDLGLGQ ASCSRG-SCS

174 : EDCSDEYVLL DSSQCICEEL KGKEEVREEH NLAVGFGIGQ DS-KRETLD --WLMGNGNE
      * *      * *      *      **      * * *      * *
141 : ERSFLQEDD DHSHNRCSSS SG-----S NLCNLLPKQS DSQDQETVNA TTSYGGEGGG

231 : QEPLEF-GVD ETFDINELLG ILNDNNVSGQ ETMQYQVDRH PNFSYQTQFP N--SNLLGSL
      * *      *      *      *      *      * * *
194 : GSTLTFTNL KPKNLSQNY GLYNGAWSRF LVGQEKTEH DYSSSCGSSD NKESMLVPSC

288 : NPMEIAQPGY DYGCPIYQPS DMENYGI DLD HRRFNDLDIQ DLDGFGDKDV HGST
      *      *      *      *
254 : GGERMHRPEL EERTGY-LEM DDLLEIDDLG LLIGKNGDFK NWCEEFQHP WNW

```



```

+++++
Sequence 1      : DREB2C.aa
Size            : 341
Matching Position : 1 - 341

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches        : -1
Mismatches     : 1
Gaps           : 1
*Not*         : 2

Matching        : 38.42 [%]
Weight         : 97

1 : MPSEIVDRKR KSRGTRDVAE ILRQWREYNE QIEAESCIDG GGPKSIRKPP PKGSRKGCWK
  **   *** ***** ** *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
1 : MP-----RKR KSRGTRDVAE ILRKWREYNE QTEADSCIDG GSKPIRKAP PKRSRKGCWK

61 : KGKGPENGIC DYRGVRQRRW GKWVAEIREP DGGARLWLGT FSSSYEAALA YDEAAKAIYG
  ***** ** *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *
56 : KGKGPENGIC DYTGRQRTW GKWVAEIREP GRGAKLWLGT FSSSYEAALA YDEASKAIYG

121 : QSARLNLPEI TNRSSSTAAT ATVSGSVTAF SDESEVCARE DTNASSGFGQ VKLEDSCSDEY
  *****
116 : QSARLNLNP-- -----

181 : VLLDSSQCIC EELKGKEEVR EEHNLAVGFG IGQDSKRETL DAWLMGNGNE QEPLEFGVDE
  ** *
124 : -LLPLCQ-- ----- -ARL----- -LHF-----

241 : TFDINELLGI LNDNNYSQGE TMQYQVDRHP NFSYQTQFPN SNLLGSLNPM EIAQPGVDYG
  * * * *  *  *  *  *  *  *  *  *
136 : -----LMN LKFVHYRIQ--MQDLV----- --LVRSL-----

301 : CPYVQPSDNE NYGIDLDHRR FNDLDIQDLD FGGDKDVHGS T
  * *
158 : --TSRISKM----- --LS PITALVKLGR Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

Matching Condition.

Matches	:	-1	
Mismatches	:	1	
Gaps	:	1	
*Nt	:	2	
Matching	:	35.20	[%]
Weight	:	96	

【図 5-14】

D056504

```

1 : M-----SS-IEPKVMVG A-----NKKQRTVQA-SSRKGCMRGK
   *      **      * * *      * *** * *****
1 : MEKEDNGSKQ SSSASVYSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARVQAK GSKKGCMRGK

33 : GGPDNASCTY KGVQRRTWVK WVAEIREP--NRGA-----RLWLGTFDTS REAALAYDSA
   *** * * ***** *** ***** * ***** *
61 : GGPENPVCRF RGVQRVWVK WVAEIREPVS HRGANSSRSK RLWLGTFATA AEAALAYDRA

85 : ARKLYGPEAH LNPESLSRY PKTASSPASQ TTPSSMTGGK SSSDSESPCS SNEMSSCGRV
   * *** * ** ** * * * * * * * * * * *
121 : ASVMYGPYAR LNFPEDLGGG RKKDEEAESS GGYWLETNKA GNGVIE----TEGGKDYVV

145 : TEE--ISWEH INVDLPVMD SSIWEEATMS--LGFPWYHE GNDISRFD CTS--GGY
   * * * * * * * * * * * * * * * * *
176 : YNEDAIELGH DKTQNP-MTD NEIVNPAVKS EEGYSYDRFX LDNGLLYNEP QSSSYHQGGG

197 : SNWDSFHSP L
235 : FDSYFEYFRF

+++++
Sequence 1      : DREB2D.aa
Size           : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2F.aa
Size           : 277
Matching Position : 1 - 277

Matching Condition.

Matches        : -1
Mismatch      : 1
Gaps          : 1
#Nt.          : 2

Matching       : 32.65 [%]
Weight        : 129

1 : MSSIEPKVM VGANKKQRTV QASSRKGCNR KGKGGPDNASC TYKGVQRRTW GKWVAEIREP
   * * * * * ** * * * * * * * * * * *
1 : M--EKSSM ---KQ---WKKGPARG KGGPQNALC QYRGVQRRTW GKWVAEIREP

61 : NRGARLWLG FDSREAALA YDSAARKLYG PEHLNLP--ESL-----RSYP
   ***** * * * * * * * * * * *
47 : KKRARLWLG FATAEEAAMA YDEALKLYG HDAYLNLP HL QRNTRPSLSN SQRKKNVPSR

106 : KTASSPAS--QTTPS-----SNTGGS--SSDSESPCS--SNEMS
   * * * * * ** * * * * *
107 : KFISMFPSCG MLNVNAQPSV HIIQQRLEEL KKTGLLSQSY SSSSSSTESK TNSFLDEKT

140 : -----SC G-----R VTEEISWEH INVDLPVMD SSIWEEATMS--EATMSL
   * * * * * * * * * * *
167 : SKGETDNMFE GGDQKKPEID LTFELQLGI LKDENEAEP EVAECHSPPP WNEQEETGSP

174 : GFPWVHEGDN DI-----SRFDTCISG GY-----SNWDSFHSP L
   * * * * * * * * * * *
227 : FRTENFSWDT LIEMPRSETT TMQFDSSNFG SYDFEDDSVF PSJWDYYSGL D

+++++

```

【図 5-15】

0056504

```

Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
*Ht             : 2

Matching        : 32.08 [%]
Weight          : 144

1 : MSSIEPKVMM VGANKKQRTV QASSRKGCWR GKGGPDNASC TYGVRQRTW GKWVAEIREP
   *      **      ***** ***** ** * * ***** *****
1 : EEEQPP---- --AKK--RN MGRSRKGCWK GKGGPENATC TFRGVRQRTW GKWVAEIREP

61 : NRGARLWLG TDSREAALA YDSAARKLYG PEHLNL-----
    *** ***** * ** ** * ** ** ***** ** **
52 : NRGARLWLG TDSREAALA YDEAARKLYG HEAKNLVHP QQQQVVVNR NLSFSGHSG

98 : ----- PESLRYPKT AS-SPASQTT PSS----- NTGGKSS -----
    *      *      *      *      *      *      *      *
112 : SWAYNKKLDW VHGLDLGLGQ ASCSRGSCSE RSSFLQEDDD HSHNRCSSES GSNLCWLLPK

127 : -SDS----- --ES PCSS----- --NEMS----- --S CGRVTEEISW
    ***      *      *      *      *      *      *      *
172 : QSDSQDQETV NATTSYGGEG GGGSTLTFST NLKPKNLMSQ NYGLYNGAWS RFLVGQEKKT

151 : EHINVDLPVM DSSSIWEE-- ATMSLGFPWV H----- --EGD--N DISRFDTGIS
    ** *      ** *      *      *      *      *      *
232 : EH--DVSSS CGSSDNKESM LVPSCGGERM HRPELEERTG YLEMDLLEI DDLGLLIGKN

194 : GGYSNW--DS FHSP--L
    * **      *      *
289 : GDFKNWCCEE FQHPWDF

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2D.aa
Size            : 206
Matching Position : 1 - 206

Sequence 2      : DREB2H.aa
Size            : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches         : -1
Mismatch        : 1
Gaps            : 1
*Ht             : 2

Matching        : 32.03 [%]
Weight          : 101

1 : M----- --SSIEPK----- --VMVVGANK QR-TVQASSR KGCWKGKGGP
   *      *      *      *      *      *      *      *
1 : MPRKRKSRGT RDVAEILRKW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPPKRSR KGCWKGKGGP

```

【図 5-16】

0056504

```

36 : DNASCTYKGY RQRTWGWVA EIREPNRGAR LNLGTFDTSR EAALAYDSAA RKLYGPEAHL
   * * * * *
61 : ENGICDYTG V RQRTWGWVA EIREPGRGAK LNLGTFSSSY EAALAYDEAS KAIYGQSARL

96 : NLPESLRSTP KTASSPASQT TPSSNTGGKS SSDSESPCSS NEMSSCGRYT EEISWEHINV
   * * * * *
121 : NL-----P LLPLCQARLL HFLNN--LKF VHVRIQMQL VLVRS--LT SRIS-----

156 : DLPVMDSSI WEEATMSLGF PWVHEGDNDI SRFDTCSGG YSNWDSFHSP L
   * * * * *
163 : ---KMLSPI --TALVKLG- -----R Y

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.aa
Size            : 244
Matching Position : 1 - 244

```

```

Sequence 2      : DREB2F.aa
Size            : 277
Matching Position : 1 - 277

```

Matching Condition.

```

Matches       : -1
Mismatch      : 1
Gaps          : 1
*Nil          : 2

Matching      : 27.52 [%]
Weight        : 173

```

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVYSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARRVQAK GSKKGCMRGK
   ***      ***
1 : MEK-----SSS-----KK QWKKGPARGK

61 : GGPENPVCRF RGVQRVWVGK WVAEIREPVS HRCANSSRSK RLNLGTFATA AEAALAYDRA
   *** * * * *
19 : GGPQNALCQY RGVQRVWVGK WVAEIREP-- --KKRA RLNLGSFATA EEAAMAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LN-----FP-----
   * * * * *
71 : ALKLYGHDAY LNLPHLQRNT RPSLSNSQRF KWVPSRKFI S MFPSCGMLNV NAQPSVHI IQ

135 : ---EDLGGG RKKDEEAESS GGYWLETN-- --KAGN GVIETEGG--KDYVVYNED
   * * * * *
131 : QRLEELKKTG LLSQSYSSSS SSTESKTNTS FLDEKTSKGE TDNMFEQGDQ KKPEIDLTEF

180 : AIELGHDKTQ N--PMTDNE --IVNPAVKS EEGYSYDR-F KLONGLLYNE PQS-----
   * * * * *
191 : LQQLGILKDE NEAPESEVAE CHSPPPNNEQ EETGSPFRTE NFSWDTLIEM PRSETTTMQF

227 : -SSYHQGGGF --DSYF-- --EYFRF
   * * * * *
251 : DSSNFGSYDF EDDVSFPSIW DYYGSLD

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2E.aa
Size            : 244

```

【図 5-17】

0056504

Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2G.aa
Size : 306
Matching Position : 1 - 306

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 25.07 [%]
Weight : 197

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVVSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARRVQAK GSKKGCMRGK
      * * * * *
1 : -----EEE QPPAKKRNMG RSRKGCMRGK

61 : GGPENPYCRF RGVQRVWVGK WVAEIREPVS HRGANSRSRK RLWLGTfATA AEAALAYDRA
      * * * * *
24 : GGPENATCTF RGVQRVWVGK WVAEIREP-- --NRGT RLWLGTfNTS VEAAMAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LN-----FPE DLGGG
      * * * *
76 : AKKLYGHEAK LNLVHPQQQQ QVVVNRNLSF SGHGSGSWAY NKKLDVHGL DLGLGQASCS

141 : RKKDEEAES-----SGG YWL-----ETNKA-----GNGV
      * * * *
136 : RGSCSERSSF LQEDDDHSHN RCSSSSGSNL CWLLPKQSDS QDQETVNATT SYGEGGGGGS

165 : IET-----EGGKDYVV YN-----EDAIELGHDK TQNPMTONEI VNPVKSEEG
      * * * *
196 : TLTFSTNLKP KNLSQNYGL YNGAWSRFLV GQEKTEHDV SSSCGSSDNK ESNLVPSCGG

208 : YSYDRFKL-----DNG LLYNEPQSSS YHQQGGFDSY FEYF-----R F
      * * * *
256 : ERMHRPELEE RTGYLEWDDL LEIDOLGLLI GKNGDFKNWC CEEFQHPNWB F

```

+++++

Sequence 1 : DREB2E.aa
Size : 244
Matching Position : 1 - 244

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatches : 1
Gaps : 1
*Nt : 2

Matching : 29.92 [%]
Weight : 114

```

1 : MEKEDNGSKQ SSSASVVSSR RRRRVVEPVE ATLQRWEEEG LARARRVQAK GSKKGCMRGK
      * * * * *
1 : MPRKRKSRGT RDVA--EILR KWREYNEQTE A-DSCIDGGG SKPIRKAPPK RSRKGCMRGK

```

【図 5-18】

0056504

```

61 : GGPENPVCRF RGVQRVWGK WVAEIREPVS HRGANSSRSK RLNLGTFATA AEAALAYDRA
**** * **** * **** * **** *
58 : GGPENGICDY TGVQRRTGK WVAEIREP GRGA----- KLNLTGTFSS YEAALAYDEA

121 : ASVMYGPYAR LNFPEDLGGG RKKDEEAESS GGYWLETNKA GNGVIETEGG KDYVVYNEDA
** ** * *
110 : SKAIYGQSAR LNLPLC QAR----- LLHFLMN LKFVHVRIQM QDLV-----

181 : IELGHDKTQN PMTONEIVNP AVKSEEGYSY DRFKLDNGLL YNEPQSSSYH QGGGFDSYFE
* * **
153 : -LVRSLTSR ISKMLSPITA LVK-----

241 : YFRF
*
174 : LGRY

```

+++++

```

Sequence 1      : DREB2F.aa
Size            : 277
Matching Position : 1 - 277

```

```

Sequence 2      : DREB2G.aa
Size            : 306
Matching Position : 1 - 306

```

Matching Condition.

```

Matches          : -1
Mismatches       : 1
Gaps             : 1
*H+              : 2

Matching         : 31.41 [%]
Weight           : 138

```

```

1 : ME-----KSS SMKQWKKGPA RGKGGPQNAL CQYRGVRQRT WGWVVAEIRE PKKRARLWLG
* * * ** ***** * ***** *
1 : EEEQPPAKKR NMGRSRKGCW KGKGGPENAT CTFRCVQRRT WGWVVAEIRE PMRGTRLWLG

56 : SFATAEEAAM AYDEAAKLKLY GHDAYLNLPH LQ-----RN TRPSLSNSQR FKNVPSRKFI
* * **** ***** ** * ** * *
61 : TFNTSYEAAM AYDEAAKLKLY GHEAKLNLVH PQQQQVVVN RNLSFSGHGS GSW-AYNKKL

110 : SMFPSCGMLN VNAQPSVHII QQRLEELKKT GLLSQSYSSS SS-----STE SKTNTSFLDE
* * * * *
120 : DMVHGLDLGL GQASCSRGSC SERSSFLQED DDHSHNRCS SSGSNLCWLL PKQSDS-QDQ

165 : KTSKGETDNM FEGG-----DQKKP---EIDLTEF LQLGLKDE NEAEPSEVAE
* * *** ** *
179 : ETVNATTSYG GEGGGGTLT FSTNLKPKNL MSQNYGLYNG AWSRFLVGQE KKTEDVSSS

211 : CHS--PPPN EQEETGS-P FRTENFSWDT LIEM-PRSET TTMQFOSSNF GSYDFEDDVS
* * * * ** *
239 : CGSSDNKESM LVPSCGGERM HRPELEERTG YLEMDDLLEI DDLGLLIGKN GDFKNWCCEE

266 : FPSINDYYGS LD
* *
299 : FOHPW----N WF

```

+++++

【図 5-19】

0056504

Sequence 1 : DREB2F.aa
Size : 277
Matching Position : 1 - 277

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatch : 1
Gaps : 1
*N+ : 2
Matching : 21.52 [%]
Weight : 192

```

1 : M--EKS-----SSMKQNK KGPARGKGGP
   *  **          *  **  ****
1 : MPRKRKSRGT RDVAEILRKW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPPKRSR KGCMMKGKGGP

22 : QNALCQYRGV RQRTWGWVA EIREPKRAR LWLGSFATAE EAAMAYDEAA LKLYCHDAYL
    * * * * * ***** * **** * *** ***** ** *
61 : ENGICDYTGV RQRTWGWVA EIREPGRGAK LWLGTFSSTY EAALAYDEAS KAIYQQSARL

82 : NLPHLQRNTR PSLNSQRFK WPSRKFIEM FPSCGMLNVN AQPSYHIQQ RLEELKKTGL
    *** * * * * * * * * * * * * * * * *
121 : NLPLLPLCQA RLLHFLMNLK FV-----HVRIQMQ DL-----V

142 : LSQSYSSSSS STESKTNTSF LDEKTSKGET DNMFEQGGQK KPEIDLTEFL QQLGILKDEK
    * * * * * * * * * * * * * * * *
153 : LVRSLTSRIS KMLS-----PITAL VKLG-----

202 : EAEPSEVAEC HSPPPNWEQE EYGSPPRTEN FSWDTLIEMP RSETTTMQFD SSNFGSYDFE
176 : -----

262 : DDVSFPSIWD YYGSLD
176 : -----RV

```

+++++

Sequence 1 : DREB2G.aa
Size : 306
Matching Position : 1 - 306

Sequence 2 : DREB2H.aa
Size : 177
Matching Position : 1 - 177

Matching Condition.

Matches : -1
Mismatch : 1
Gaps : 1
*N+ : 2
Matching : 24.41 [%]
Weight : 192

【図 5-20】

```

                                0056504
1 : -----EEEQ-----PP AKKRMGRSR KGCMKGKGGP
   * * * * *
1 : MPRKRKSRGT RDVAEILRKW REYNEQTEAD SCIDGGGSKP IRKAPPKRSR KGCMKGKGGP

27 : ENATCTFRGY RQRTGKHYA EIREPNRGTR LWLGTFTSV EAAMAYDEAA KKLYGHEAKL
   * * * * *
61 : ENGICDYTG RQRTGKHYA EIREPGRGAK LWLGTFSY EAALAYDEAS KAIYQSARL

87 : NLVHPQQQQ VVVRNLSFS GHGSGSWAYN KKLDVHGLD LGLQASCSR GSCSERSSFL
   * * * * *
121 : NL-----PL LPLCA-----

147 : QEDDHSNR CSSSSGNLC WLLPKQSDSQ DQETVNATTS YGEGGGGST LTFSTNLKPK
   * * * * *
131 : -----RL LHFLMNLKFV

207 : NLMSQNYGLY NGAWSRFLVG QEKTEHDVS SSCSSDRIE SMLVPCGGE RMHRPELEER
   * * * * *
143 : HVRIQMDL-----VLV-----RSLTSRISK-MLSP-----

267 : TGYLENDLL EIDDLGLLIG KNGDFKNWCC EEFQHPNWF
   * * * * *
168 : -----ITALVKL-----GRY

```


[illegible]

【図 8】

```

DREB1A 1: ...MNSFAFSEMFSGDYESSVSSGGDYIPTASSCPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR
DREB1B 1: ...MNSFAFSEMFSGDYEP...QGGDYCP...LATSCPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR
DREB1C 1: ...MNSFAFSEMFSGDYESSVSSGGDYSPK...LATSCPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR
DREB1D 1: MNPFSAPSDSFLSISDHRSPVSDSSSECKLASSCPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR
DREB1E 1: ...MENDITVAEMRPPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR
DREB1F 1: ...NNNDITVAEMRPPKKAAGRKKPRETRHPYRGGVRR

DREB1A 57: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLRI
DREB1B 54: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLRI
DREB1C 57: RNSGKNVCEVREPNKKTRIVILGTFQTAEVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLRI
DREB1D 50: RNSGKNVCEVREPNKKSRIVILGTFPTVEVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLRI
DREB1E 36: RDGDKNVCEVREPNKHQRIVILGTFPTADVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLPV
DREB1F 36: RNSGKNVCEVREPNKHQRIVILGTFPTADVRAARAHVDVAALAKGRSACLNPADSASVRLPV

DREB1A 116: PESTCAKDIOKRAAEARLAFODERICDATTDHG.PDNEETLVDAIYTAE...QSENAF
DREB1B 113: PESTCAKDIOKRAAEARLAFODETCDDTTTNGLDNEETNVEAIYTPE...QSEGA
DREB1C 116: PESTCAKEIOKRAAEARLAFODEMCHMTTDAEGLDNEETLVDAIYTPE...QSDAF
DREB1D 119: PETTCPSIOKRAAEARLAFONETTTGSKTA.AEAEAAAGGVREGERRAEENGCV
DREB1E 95: PRSTDPTTERTAAAEARLAFEPFSTGIVLPASAEPTDS...
DREB1F 95: PESNOPDVIRRVAAEARENFRPVDELSEGITVLPAGDDVDLGFSGSGSOSGGSEERNSS

DREB1A 169: VMDEAMFEMPSLLANNAEGMLLEPLPSVQVNNHRE...EVDGDDDDVSLASY..
DREB1B 167: VMDEAMFEMPSLLDNNNAEGMLPPSPVQVNNH...DGECDGDDVSLASY..
DREB1C 170: VMDEAMLGSSLLDNNNAEGMLPPSPVQVNNH...DVEGDDVSLASY..
DREB1D 177: VMDEALLGPPFENNNAEGMLPPSPVQVNNH...DFDGVGDVSLNSFDE
DREB1E 135: ...DEGVAGNMHRLAEBPLMSPPRSYIDNN.TSVYVDEENCYEDLSLASY..
DREB1F 154: SYGFGDYEEVSTTMMRLAEGPLMSPPRSYIMEDKPTNVYTEEMCYEDMSLASY

```

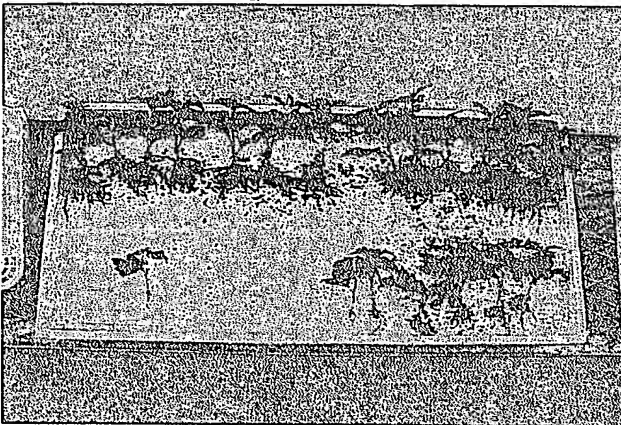
【図 9】

DREB2A 1: AVYDQSGDNRTQIDTSRKRSRSRGDGTVAERKRRKKEINEIVEYSTK.....KRVPAKGSKGCNKKGKGG
 DREB2B 1: AVVEQIG....TEQPKRKRSARAGULTVADRKKKKEINEIVEASAVKEG..EKPKRVPAKGSKGCNKKGKGG
 DREB2C 1: PSE.....IVDRKRSR...GTRDVAEIRQREINEIEAESCIDGGGPKSIRKPPKGSKGCNKKGKGG
 DREB2D 1:MESEPKVMVGVANKKQRTVQASSKGCNRKGKGG
 DREB2E 1:MEKEDNGCKOSSASVSSRRRRRVPEATLDWEEEGLARARVQAKGSKGCNRKGKGG
 DREB2F 1:MEKSSNKO.....MKGGPARGKGG
 DREB2G 1:MESEQPPAKKRNNGRSKKGKGGKGG
 DREB2H 1: RPKRSR...GTRDVAEIRKREINEIEAESCIDGGGPKSIRKPPKGSKGCNKKGKGG
 DREB2A 72: PERSRCSFRCVQRORIMKRVAEIREP.....KGRANLCGPTAQEARSAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2B 71: PSHCSFRCVQRORIMKRVAEIREP.....ICRENLCGPTAEARASAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2C 65: ENGICDYRCVQRORIMKRVAEIREP.....GGRNLICGPTSSYEALAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2D 35: EMASCTYRCVQRORIMKRVAEIREP.....KGRANLCGPTSSYEALAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2E 63: PNPVCRFRCVQRORIMKRVAEIREPUSHRGANSKSKRLNLCGPTAQEARSAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2F 21: QNALCQYRCVQRORIMKRVAEIREP.....KGRANLCGPTAQEARSAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2G 27: PNPVCRFRCVQRORIMKRVAEIREP.....KGRANLCGPTAQEARSAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2H 60: ENGICDYRCVQRORIMKRVAEIREP.....KGRANLCGPTAQEARSAYDEAAKAMTEPLARLPFRSD...
 DREB2A 138:ASEVTSTSSQSEVCTVETPOCVH.....KTEDPCCEBKKPPSG...OVPEPHYCLEN.....GABENKRGV
 DREB2B 137:GSEFTSTSSQSEVCTVENKAVVCGDVVKBEPTDCSNPFSQILDVRESCGTRPDSCVTGHQDMNSSL
 DREB2C 135: SSTAATATVSGVATFSDSEVCTAREDTNASSQFGCKLEDCSEYVLLDSSQCIKEELKGXZ....VREBNLAV
 DREB2D 102:SYPKTASSPASQITPS.....GGRKDEAESGGYVLETKAGNGVITEG.....GKDYVVYN.....
 DREB2E 138:TRPLSNSQRFKWVPSR.....KPSMFSCOMLVNVAQPSVILIQRLBELKKTGL
 DREB2F 89:QDVVNRLSFGSGSGSNAYNKLDMVHGLDLGLGQASCSCSCSSRSSTLQEDDD
 DREB2G 95:LQCARLHLHNLKPTWVRIOQMDLVRS.....LTSR.....
 DREB2H 126:LQCARLHLHNLKPTWVRIOQMDLVRS.....LTSR.....
 DREB2A 196: XADKHLSEFFENYVSDILXKEX..QXEOGIVETCQQQQ.....DSQSVADYGNP..NOV..DQSHLDS.....SDM
 DREB2B 207: NYD..LLEFEQYWGQVLQEKXPKQEESEIQQQQEQQQQQLOQLLTVADYGNPWSNDIVNDQTSWDP.....NFC
 DREB2C 208: QFG.....IGDSKRSSTLDWLMGNGNEPPEFQVDETFD..INELGILNDNNVSGQETHQYQVDRHPNFSYQTO
 DREB2D 118: SNTGKSSDS.....ESPCSS.....NEMSSCG.....RVTEISWEHINVDLPVADD.....S
 DREB2E 177:KDAIELGHDKTONPMTDNEIVNPAVKSESG
 DREB2F 142: LSQYSSSSST.....ESXTNTSFLDEKTSKGTDNMFEGGQKKPEIDLEFLQGLKQEN.....SA
 DREB2G 153: KSHNRCSSSGSLCWLPLXQSDSDQDEIVNATTSYGGEGGGSTLFTSTNLKPNLMSQNYGLYNGAWSRPLVQQR
 DREB2H 160:ISKMSPI.....TALVKLGRY.....
 DREB2A 259: FVDVDELLRDNGDDVFAGLNDQRYPGNSVANGSYRPSQSGDFPLQSLNLYGIPFPQLSGXKDGNGFFDLSYLDLEN
 DREB2B 279: FDIINELLGDN.....EPGPHQSQDQ.....NHVNSGSDYDLBHLHLEPHDG..KEFNGLSLSDI..
 DREB2C 278: FPNENLLGSN.....PNEIAQPGVDYGCYVQPSDNENYGILOHRRFPNDLIDQLODFGCGDQVAGST...
 DREB2D 164: SINEBATNSGCPFWVHEGDN.....DISR.....FDTCSGGY.....SNWDSFHSPL...
 DREB2E 208: YSYDRFK.....LONLLYNEPQSSSYHQGGFDSYFEFRF.....
 DREB2F 204: EPSEVAECHSPPPWNEQETGTFRTENPNTLIBKPSSETTMQDSSNFSGYDDEDVVSFPIYQYGSQD...
 DREB2G 231: KTEHDVSSCGSSDNKESMLVPSGGERMHRPELEATGYLEMDDLLDLDLGLLIGKNGDFKXNWCCEEFQHPWNP
 DREB2H 231: KTEHDVSSCGSSDNKESMLVPSGGERMHRPELEATGYLEMDDLLDLDLGLLIGKNGDFKXNWCCEEFQHPWNP

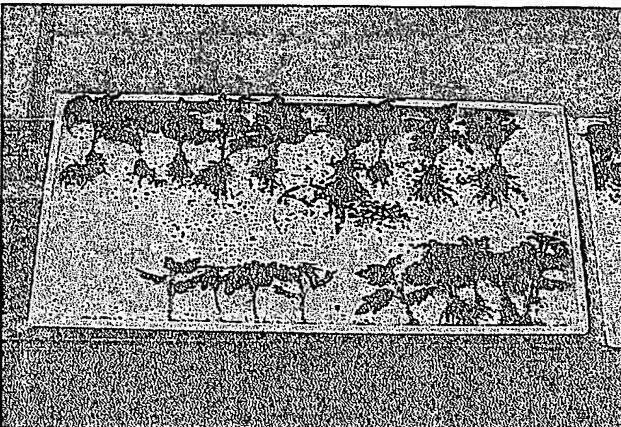
【図 10】



系統 9

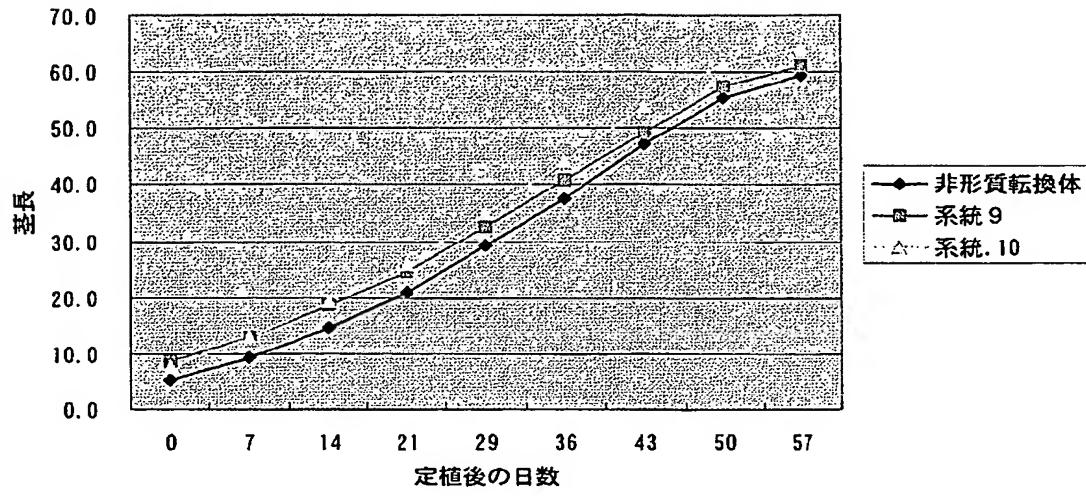


系統 10



非形質転換体

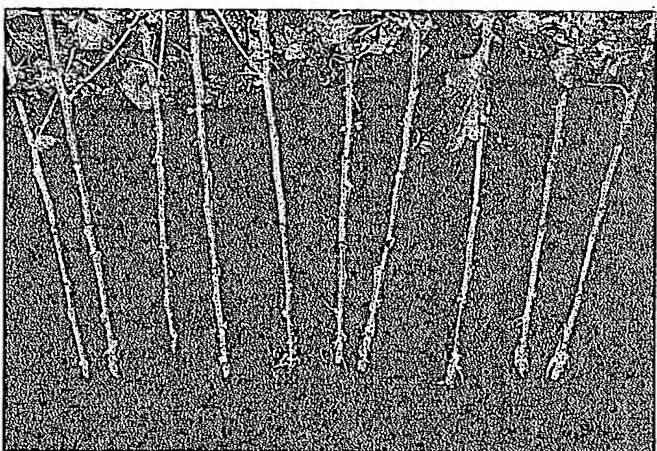
【図 11】



【図 12】



系統 9



系統 10



非形質転換体

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 発根率を高めることにより挿し木増殖での効率を高め、切花の花持ちが改善された植物の提供。

【解決手段】 ストレス応答性プロモーターの下流に、ストレス応答性プロモーターに含まれるストレス応答性エレメントに結合し該エレメントの下流の遺伝子の転写を制御するタンパク質をコードするDNAが連結された遺伝子を用いて植物を形質転換することを含む、発根率が向上された、および／または切花の花持ちが延長された形質転換植物を作成する方法。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [5 0 1 1 7 4 5 5 0]

1. 変更年月日	2 0 0 1 年 4 月 2 7 日
[変更理由]	新規登録
住 所	茨城県つくば市大わし 1 - 1
氏 名	独立行政法人 国際農林水産業研究センター

特願 2 0 0 3 - 0 7 1 0 8 2

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[0 0 0 2 5 3 5 0 3]

1. 変更年月日

1 9 9 5 年 6 月 1 4 日

[変更理由]

住所変更

住 所

東京都中央区新川二丁目 1 0 番 1 号

氏 名

麒麟麦酒株式会社